

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6:

C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00

(11) Internationale Veröffentlichungsnummer:

WO 99/46374

(43) Internationales

Veröffentlichungsdatum:

16. September 1999 (16.09.99)

(21) Internationales Aktenzeichen:

PCT/DE99/00721

A2

(22) Internationales Anmeldedatum:

9. März 1999 (09.03.99)

(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC,

NL, PT, SE).

(30) Prioritätsdaten:

198 11 193.2

10. März 1998 (10.03.98)

DE

Veröffentlicht

Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE];
Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN,
Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE).
SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II,
D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE];
Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE).
DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6,
D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE];
Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM PROSTATE TUMOUR TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PROSTATATUMORGEWEBE

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genomic sequences – from prostate tumour tissue which code for gene products or parts thereof, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtainable by way of said sequences and to their use.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Gewebe von Prostatatumoren, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

		ES	Sausica	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AL	Albanien		Spanien Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AM	Armenien	FI	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AT	Österreich	FR	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	LV	Lettland	SZ	Swasiland
ΑU	Australien	GA	Gabun	MC	Monaco	TD	Tschad
ΑZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich			TG	Togo
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TJ	Tadschikistan
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TM	Turkmenistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische	TR	Türkei
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland		Republik Mazedonien		
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko		Amerika
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik	NZ	Neuseeland	zw	Zimbabwe
CM	Kamerun		Korea	PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumānien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK		LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland				- ·		

WO 99/46374 PCT/DE99/00721

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Prostatatumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Gewebe von Prostatatumoren, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine weit verbreitete Krebsart ist der Prostatakrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, die auf einer Blockierung von Hormonwirkungen beruhen, sind sehr häufig nach wenigen Jahren wirkungslos, da der Tumor hormonunabhängig wird, d. h. ohne Hormonwirkung weiterwächst und Metastasen bildet.

15

20

25

30

35

5

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen, d.h. Genen, die als Ursache für oder als Folge von bösartigen Entartungen normalen, menschlichen Gewebes angesehen werden können, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenanten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die

Tumorentstehung und -prolifertion wichtig sind (s. Fig. 1). Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe.

Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

5

10

15

25

35

40

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehenst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 - 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6, 7, 10, 12, 13, 15, 17-24, 26, 27, 29, 31-34, 36, 37, 39, 40, 44-53; 142, 144-164 gefunden werden, die als Kandidatengene bei Prostatakrebs eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164.

- Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164,
 - eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- 30 oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
 - Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.
 - Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3-53; 142, 144-164, die in Prostatatumorgewebe erhöht exprimiert sind
- Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 2000 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 1700 bp auf.

- Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.
- In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.
- Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, φX174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).
- Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacl, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.
- Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
 - Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
 - Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.
 - Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den
- Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

35

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

- Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.
- Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199.
- Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 aufweisen.
- Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 kodiert werden.
 - Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.
 - Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Proteine, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 kodiert werden.
- Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostatakrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.
- Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.

25

30

WO 99/46374 5 PCT/DE99/00721

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

- Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).
- Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Unter Nukleinsäuren sind in der vollegenden Erfindung zu Nukleinsäuren= verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen). 5 Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, ORF = die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann. Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Contig= Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus). 10 Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält. Singleton= Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine Modul = strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt 15 wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C N =wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren X =20

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimaler anfänglicher Identitätsbereich minimal initial match= maximum pads per read= maximale Anzahl von Insertionen maximale Abweichung in % maximum percent mismatch=

Erklärung der Abbildungen

30 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Fig. 1 Datenbank. zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung Fig. 2a 35 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung Fig. 2b1-2b4 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in Fig. 3 verschiedenen Geweben 40 zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über Fig. 4a elektronischen Northern. zeigt den elektronischen Northern Fig. 4b 45 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Fig. 5

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10

15

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet (s. Fig. 2a und 2 b1-2b4).

Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen
 Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche
 Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Prostata-Tumor ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend
mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (s. Fig. 3). Hierzu wurden
erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war
es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)
Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen.
Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe
spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das
Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen

ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

5

15

Beispiel 2

10 Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homolgiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids
 Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

35

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde das EST der Sequenz Seq. ID No. 36 gefunden, das 5x stärker in Prostatatumorgewebe als in entsprechendem Normalgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft die Glutamat-bindende Untereinheit des NMDA-Rezeptors.

Das Ergebnis ist wie folgt:

WO 99/46374 9 PCT/DE99/00721

		NORMAL %Häufigkeit	TUMOR %Häufigkeit	Verhältnisse N/T	T/N
5	Blase Brust Eierstock Endokrines-	0.0465 0.0373 0.0091 0.0292	0.0204 0.0283 0.0078 0.0163	2.2731 1.3172 1.1686 1.7861	0.4399 0.7592 0.8557 0.5599
10	Gewebe Gastrointestinal Gehirn Haematopoetisch Haut	0.0039 0.0195 0.0112 0.0249	0.0286 0.0350 0.0000 0.0000	0.1357 0.5564 undef undef	7.3686 1.7973 0.0000 0.0000
15	Hepatisch Herz Hoden Lunge Magen-	0.0000 0.0064 0.0061 0.0324 0.0097	0.0000 0.0137 0.0000 0.0142 0.0307	undef 0.4624 undef 2.2824 0.3150	undef 2.1624 0.0000 0.4381 3.1748
20	Speiseröhre Muskel-Skelett Niere Pankreas Penis	0.0069 0.0059 0.0076 0.0150	0.0000 0.0274 0.0166 0.0800	undef 0.2171 0.4571 0.1872	0.0000 4.6066 2.1876 5.3424
25	Prostata Uterus Brust-Hyperplasie Dünndarm Prostata- Hyperplasie	0.0071 0.0066 0.0036 0.0062 0.0208	0.0341 0.0000	0.2097 undef	4.7677 0.0000
30	Samenblase Sinnesorgane Weiße-Blutkörper- chen	0.0089 0.0000 0.0131			

35		FOETUS
		%Häufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointenstinal	0.0092
40	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0111
	Niere	0.0124
45	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Häufigkeit

	Brust	0.0748
5	Eierstock-Uterus	0.0388
	Endokrines-Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
10	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0131
	Prostata	0.0256
15	Sinnesorgane	0.0077

2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde das EST der Sequenz Seq. ID No. 39 gefunden, das 4,5x stärker in Prostatatumorgewebe als in entsprechendem Normalgewebe vorkommt.

11

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft die Protein-Steuerung (Protein-Traffiking) im Endoplasmatischen Retikulum (ER).

Das Ergebnis ist wie folgt:

10

5

		NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	!
		%Häufigkeit	%Häufigkeit	N/T	T/N
15		-			
	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0067	0.0022	3.0579	0.3270
	Eierstock	0.0091	0.0026	3.5059	0.2852
	Endokrines-	0.0036	0.0054	0.66981.493	30
20	Gewebe	•			
	Gastrointestinal	0.0058	0.0095	0.6107	1.6375
•	Gehirn	0.0034	0.0033	1.0321	0.9689
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef.	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
25	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0047	1.3168	0.7594
	Magen-	0.0193	0.0000	undef0.0000) .
30	Speiseröhre				
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
•	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000	-		
	Dünndarm	0.0093			
	Prostata-	0.0089			
40	Hyperplasie				
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weiße-	0.0026			÷
	Blutkörperchen				

		FOETUS %Häufigkeit
	Entwicklung	0.0000
5	Gastrointenstinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefäße	0.0000
	1	0.0074

Lunge 0.0074
10 Niere 0.0247
Prostata 0.0000
Sinnesorgane 0.0000

15

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Häufigkeit

	Brust	0.0000
20	Eierstock-Uterus	0.0091
	Endokrines-Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
*	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
25	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0128
30	Sinnesorgane	0.0000

2.1.4

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde das EST der Sequenz Seq. ID No. 40 gefunden, das 8x stärker in Prostatatumorgewebe als in entsprechendem Normalgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft die Regulation der Protein-Kinase.

13

- Das Ergebnis ist wie folgt:

10

5

		NORMAL	TUMOR	Verhältnis	se
		%Häufigkeit	%Häufigkeit	N/T	T/N
15		_	_		
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0763	0.1573	6.3588
	Eierstock	0.0608	0.0234	2.5969	0.3851
	Endokrines-	0.0073	0.0245	0.2977	3.3593
20	Gewebe				
	Gastrointestinal	0.0872	0.1000	0.8724	1.1462
	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Hepatisch	0.0149	0.0388	0.3826	2.6139
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0355	0.1405	7.1196
	Magen-	0.0000	0.0230	0.0000	undef
30	Speiseröhre				
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
•	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Prostata	0.0119	0.0958	0.1243	8.0455
	Uterus	0.0017	0.0214	0.0774	12.9263
	Brust-Hyperplasie	0.0073	· •		
	Duenndarm	0.0436			
	Prostata ·	0.0119			
40	-Hyperplasie				
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0470			
	Weiße-	0.0009			
•	Blutkörperchen				

FOETUS
%Häufigkeit

	Entwicklung	0.0000
5	Gastrointenstinal	0.0247
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0000
10	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

15

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Häufigkeit

	Brust	0.0000
20	Eierstock-Uterus	0.0205
	Endokrines-Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0000
25	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0321
30	Sinnesorgane	0.0000

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

15

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 3

5				
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkei	t N/T T/N
	Blase	0.0046	0.0128	0.3637 2.7495
	Brust	0.0293	0.0087	3.3637 0.2973
10	Eierstock	0.0122	0.0416	0.2922 3.4228
	Endokrines Gewebe		0.0245	0.8186 1.2216
	Gastrointestinal		0.0571	0.4411 2.2673
	Gehirn		0.0131	1.2257 0.8159
	Haematopoetisch		0.1135	0.0739 13.5274
15		0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0388	0.0000 undef
	•	0.0180	0.0000	undef 0.0000
		0.0122	0.0000	undef 0.0000
		0.0162	0.0189	0.8559 1.1683
20	Magen-Speiseroehre		0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
		0.0149	0.0342	0.4342 2.3033
	Pankreas		0.0276	0.9599 1.0417
		0.0180	0.0267	0.6739 1.4840
25	Prostata		0.0149	0.3196 3.1288
23		0.0066	0.0142	0.4642 2.1544
	Brust-Hyperplasie		0.0112	0.1012 2.1011
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
30	Samenblase			
50	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
	wersse_brackoerperemen	0.0110		
25				
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
40		0.0375	•	
40	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0037		
		0.0062		
4.5	Prostata			
45	Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE B	IBLIOTHEKEN
50	n +	%Haeufigkeit 0.0136		
30				
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0064		
E	Gastrointestinal		-	
55	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			•
		0.0000		
		0.0328		
60		0.0120		
60	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		%Haeufigkeit		
_	Blase	0.0046	0.0153	0.3031 3.2995
		0.0027	0.0044	0.6116 1.6351
	Eierstock		0.0026	1.1686 0.8557
	Endokrines Gewebe		0.0082	0.2233 4.4791
10	Gastrointestinal		0.0048	0.0000 undef
	Gehirn		0.0099	0.0000 undef
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0042	0.0000	undef 0.0000
13		0.0042	0.0000	undef 0.0000
				1.5801 0.6329
		0.0037	0.0024	
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
•	Muskel-Skelett		0.0120	0.2855 3.5025
20		0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
	Pankreas		0.0055	0.3428 2.9168
		0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata	0.0048	0.0192	0.2486 4.0228
		0.0083	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm			
-	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase			•
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse Blutkoerperchen	0.0000		
35	Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge	0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000		
	Sinnesorgane			
		•		
45				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines Gewebe			
50	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
55		0.0000	- .	
<i>))</i>				
		0.0082 0.0040		
	Prostata			
60	Sinnesorgane	0.0000		
60				

•		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5			%Haeufigkeit	
			0.0026	1.8185 0.5499
		0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0078	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe		0.0027	0.0000 undef
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
	Gehirn		0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5198 0.3968
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20	Niere	0.0059	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0024	0.0170	0.1398 7.1516
	Uterus	0.0066	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	_			
		FOETUS		
26		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0000		
		0.0124		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
40		NODMIEDTE /CIT	MDAUTEDME DTE	T TOMUEVEN
		%Haeufigkeit	STRAHIERTE BIE	PLOTUENEN
	Druct	0.0000		
	Eierstock-Uterus			
50				
50	Endokrines_Gewebe			
		0.0000		
	Gastrointestinal			•
	Haematopoetisch			
55	Haut-Muskel			
JJ		0.0000		
	_	0.0000		
	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	0.0000		•
	Prostata			
60	Sinnesorgane	0.0000		
60				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Brust	0.0027	0.0109	0.2446 4.0878
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396 0.7465
10	Gastroint e stinal	0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn		0.0011	0.7741 1.2918
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut		0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0129	0.7651 1.3069
15		0.0011	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20		0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas		0.0055	0.3428 2.9168
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0064	0.0000 undef
	Uterus		0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie			
20	Duenndarm	0.0031		
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen			•
50				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung			
33	Gastrointenstinal			
		0.0063		
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse	0.0041		
40		0.0037		
40		0.0124		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
45				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		•
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0023		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
		0.0029		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0228		•
	Haut-Muskel	0.0000	-	
55		0.0000		
= -		0.0000		
		0.0010		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
60				

19

		*		
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5		0.0093	0.0051	1.8185 0.5499
		0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0026	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef 0.0000
10	Gehirn		0.0066	1.1612 0.8612
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef undef
1.5		0.0011	0.0275	0.0385 25.9489
15		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0047	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0030	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas		0.0055	0.6857 1.4584
	Prostata	0.0000	0.0000 0.0106	undef undef 0.44752.2349
	Uterus		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie		0.0000	under 0.0000
25	Duenndarm			
23	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
30	"c155c_blackoolpelonen	0.000		
50				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
		0.0000		
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0000		
40		0.0000		
	Prostata		•	
	Sinnesorgane	0.0000		
45		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0160		
		0.0000		
50	Foetal	0.0058		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0114		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000	-	
55		0.0000		•
		0.0060		•
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0155		

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	
5	Blase	0.0046	0.0128	0.3637 2.7495
		0.0080	0.0022	3.6695 0.2725
	Eierstock		0.0026	2.3372 0.4279
	Endokrines Gewebe		0.0082	0.4465 2.2395
			0.0048	1.2214 0.8187
10	Gastrointestinal			
10	Gehirn		0.0077	0.3318 3.0142
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0042	0.0137	0.3083 3.2436
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0050	0.0071	0.7023 1.4239
	Magen-Speiseroehre		0.0077	1.2599 0.7937
	Muskel-Skelett		0.0300	0.0571 17.512
		0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
20	Pankreas		0.0055	1.0285 0.9723
20		0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata		0.0170	0.1398 7.1516
		0.0066	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119		
	Samenblase			
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse Blutkoerperchen	0.0009		
30	_ •			
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
		0.0000		
	Haematopoetisch			
•	Herz-Blutgefaesse			
40	_	0.0000		
40		0.0000		
	Prostata		,	
	Sinnesorgane	0.0000		
4.5				
45			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
	·	%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0068		
	Endokrines Gewebe	0.0245	**	
50		0.0035		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
55		0.0000	v = V	
55		0.0164	•	
		0.0070		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	_ •		%Haeufigkeit	
5		0.0000	0.0077	0.0000 undef
		0.0200	0.0240	0.8340 1.1991
	Eierstock		0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe		0.0191	0.7655 1.3064
	Gastrointestinal		0.0000	undef undef
10	Gehirn		0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef undef undef undef
		0.0000	0.0000	under under undef undef
15		0.0000	0.0000	
		0.0012	0.0000	
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
••		0.0089	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0064	0.0000 undef
	Uterus		0.0000	undef undef
0.5	Brust-Hyperplasie			
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase			
	Sinnesorgane	0.0000		•
20	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017		
30				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	-		~
35	Gastrointenstinal			
55		0.0000		
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0000		
40		0.0124		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
	-			
45			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0068		•
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines_Gewebe		* * *	•
50	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			1
	Haut-Muskel			•
		0.0000	-	
55	Lunge			
		0.0000		
•	Prostata			•
	Sinnesorgane	0.0000		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0046	0.0128	0.3637 2.7495
	Brust	0.0027	0.0087	0.3058 3.2702
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0245	0.2977 3.3593
	Gastrointestinal	0.0019	0.0048	0.4071 2.4562
10	Gehirn	0.0127	0.0208	0.6111 1.6363
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz	0.0127	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0234	0.2612 3.8288
	Lunge	0.0112	0.0047	2.3702 0.4219
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0238	0.0068	3.4733 0.2879
20	Pankreas	0.0095	0.0055	1.7142 0.5834
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0071	0.0277	0.2581 3.8738
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie			***************************************
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178		
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			•
30				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0063		1
	Haematopoetisch	0.0079		
	Herz-Blutgefaesse	0.0041		
		0.0111		
40		0.0185		
	Prostata	0.0000		-
	Sinnesorgane			
	·			
45		NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0068		
	Eierstock-Uterus	0.0205		
	Endokrines Gewebe	0.0490		
50	-	0.0017		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		•
	Haut-Muskel	0.0130	,	
		0.0156		
55		0.0000	-	
		0.0020		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
	3	•		
60				

```
TUMOR
                                                            Verhaeltnisse
                                 NORMAL
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                          Blase 0.0000
                                              0.0000 undef
                                                           undef
5
                          Brust 0.0000
                                              0.0000 undef
                                                           undef
                      Eierstock 0.0000
                                              0.0000 undef
                                              0.0000 undef undef
              Endokrines Gewebe 0.0000
               Gastrointestinal 0.0000
                                              0.0000 undef
                                                           undef
                                              0.0011 0.0000 undef
                         Gehirn 0.0000
10
                Haematopoetisch 0.0000
                                              0.0000 undef undef
                           Haut 0.0000
                                              0.0000 undef
                                                            undef
                      Hepatisch 0.0000
                                              0.0000 undef
                                                            undef
                                              0.0000 undef
                           Herz 0.0000
                                              0.0000 undef undef
15
                          Hoden 0.0000
                                              0.0000 undef
                          Lunge 0.0000
                                              0.0000 undef undef
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                 Muskel-Skelett 0.0000
                                              0.0000 undef undef
                          Niere 0.0030
                                              0.0000 undef 0.0000
                                              0.0000 undef undef
20
                       Pankreas 0.0000
                           Penis 0.0000
                                              0.0000 undef undef
                                              0.0064 0.0000 undef
                       Prostata 0.0000
                         Uterus 0.0000
                                              0.0000 undef undef
              Brust-Hyperplasie 0.0000
25
                      Duenndarm 0.0000
           Prostata-Hyperplasie 0.0000
                      Samenblase 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
         Weisse Blutkoerperchen 0.0017
30
                                 FOETUS
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0000
35
                         Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0079
              Herz-Blutgefaesse 0.0000
                           Lunge 0.0000
40
                           Niere 0.0000
                        Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
45
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0000
               Eierstock-Uterus 0.0023
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0006
50
                Gastrointestinal 0.0122
                 Haematopoetisch 0.0057
                     Haut-Muskel 0.0032
Hoden 0.0000
                           Lunge 0.0000
55
                          Nerven 0.0040
                        Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0077
```

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock		0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal		0.0000	undef undef
10	Gehirn Haematopoetisch		0.0000 0.0000	undef undef undef undef
		0.0000	0.0000	under under undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
15		0.0183	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
••		0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0085	0.0000 undef
	Uterus		0.0000	undef undef
25	Brust-Hyperplasie Duenndarm			
23	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
30				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
26	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
		0.0000		
	Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse			
		0.0000		•
40	_	0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
	-			
45			STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
	Eierstock-Uterus			•
50	Endokrines_Gewebe	0.0000	•	
20	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0156	_	
55		0.0000	•	*
		0.0000		
	Prostata			,
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

BNSDOCID: <WO___9946374A2_I_>

WO 99/46374

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0000	0.0022	0.0000 undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
10	Gehirn		0.0000	undef 0.0000
		0.0028	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
15		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0064	0.0000 undef
		0.0000	0.0000	undef undef
0.5	Brust-Hyperplasie			
25		0.0000		
		0.0000		
	Samenblase	0.0000		
		0.0000		
20	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
30				
		FOETUS		
•		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointenstinal			
33		0.0000		
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
	Lunge	0.0000		
40		0.0000		
40	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Dimedorgane	0.0000		
		•		
45	· ·	NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0000		
	Endokrines Gewebe	0.0000		•
50	_Foetal	0.0000		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
		0.0000	-	
55		0.0000		
		0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

26

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	
5	Blase	0.0046	0.0102	0.4546 2.1996
	Brust	0.0000	Ò.0000	undef undef
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000 undef
10	Gehirn		0.0044	0.3871 2.5836
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0065	0.0000 undef
		0.0011	0.0000	undef 0.0000
15		0.0061	0.0000	undef 0.0000
		0.0050	0.0024	2.1069 0.4746 undef undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000 0.0000	under under undef undef
	Muskel-Skelett	0.0089	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas		0.0000	undef undef
20		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0043	0.0000 undef
	Uterus		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie		***************************************	
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035		
30	. —		•	
		FOETUS		
	War hand alalam a	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung Gastrointenstinal			
33		0.0125		
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0037		
40		0.0124		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	_			
45			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit	•	
		0.0204	•	
	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines_Gewebe			•
50		0.0000		•
	Gastrointestinal Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		4
55		0.0000	•	
- -		0.0040	:	
	Prostata			
	Sinnesorgane			
60				•

```
NORMAL
                                               TUMOR
                                                             Verhaeltnisse
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                    T/N
5
                           Blase 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                                                             undef undef
                          Brust 0.0000
                                               0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                      Eierstock 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
              Endokrines_Gewebe 0.0000
               Gastrointestinal 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                         Gehirn 0.0000
                                                             undef undef
10
                                               0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                                                             undef undef undef
                           Haut 0.0000
                                               0.0000
                      Hepatisch 0.0000
                                               0.0000
                            Herz 0.0000
                                                             undef undef
                                               0.0000
                                               0.0000
15
                           Hoden 0.0000
                                                             undef undef
                                                             undef undef
undef undef
                                               0.0000
                           Lunge 0.0000
                                               0.0000
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                 Muskel-Skelett 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                                                             undef undef
undef undef
undef undef
                                               0.0000
                           Niere 0.0000
20
                        Pankreas 0.0000
                                               0.0000
                           Penis 0.0000
                                               0.0000
                                                             0.0000 undef
                        Prostata 0.0000
                                               0.0043
                         Uterus 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
              Brust-Hyperplasie 0.0000
25
                      Duenndarm 0.0000
           Prostata-Hyperplasie 0.0000
                     Samenblase 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
         Weisse Blutkoerperchen 0.0009
30
                                 FOETUS
                                 %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0000
35
                         Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0000
                           Lunge 0.0000
40
                           Niere 0.0000
                        Prostata 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
45
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0000
               Eierstock-Uterus 0.0000
              Endokrines_Gewebe 0.0000
50
                         Foetal 0.0000
               Gastrointestinal 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
                     Haut-Muskel 0.0000
                           Hoden 0.0000
55
                           Lunge 0.0000
                          Nerven 0.0000
                        Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
```

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock		0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal		0.0000	undef undef
•	Gehirn		0.0011	0.0000 undef
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20		0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0064	0.0000 undef
26	Uterus		0.0000	undef undef
25	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
		0.0000		
	Samenblase	0.0000		
20	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		-
	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines_Gewebe			•
	Foetal			*
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel		-	
55		0.0000		
		0.0000		
		0.0000	•	
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

```
NORMAL
                                              TUMOR
                                                            Verhaeltnisse
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                  T/N
5
                          Blase 0.0000
                                                            undef undef
                                              0.0000
                          Brust 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
                      Eierstock 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
              Endokrines Gewebe 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
               Gastrointestinal 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
10
                         Gehirn 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
                                              0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
                                                            undef undef
                           Haut 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
                      Hepatisch 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
                           Herz 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
15
                          Hoden 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
                          Lunge 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef
                                                                  undef
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
                 Muskel-Skelett 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
                          Niere 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
undef undef
20
                       Pankreas 0.0000
                                              0.0000
                          Penis 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
                       Prostata 0.0000
                                              0.0149
                                                            0.0000 undef
                         Uterus 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
              Brust-Hyperplasie 0.0000
25
                      Duenndarm 0.0000
           Prostata-Hyperplasie 0.0059
                     Samenblase 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
         Weisse Blutkoerperchen 0.0000
30
                                 FOETUS
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
35
              Gastrointenstinal 0.0000
                        Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0000
                          Lunge 0.0000
40
                          Niere 0.0000
                       Prostata 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
45
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
                          Brust 0.0000
               Eierstock-Uterus 0.0000
              Endokrines_Gewebe 0.0000
50
                         Foetal 0.0000
               Gastrointestinal 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0000
                          Hoden 0.0000
55
                          Lunge 0.0000
                         Nerven 0.0000
                       Prostata 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
60
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
-	D)	%Haeufigkeit	%Haeurigkeit	N/T T/N undef undef
5		0.0000 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0052	0.5843 1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0030	0.0000	undef undef
		0.0019	0.0000	undef 0.0000
10	Gehirn		0.0011	0.0000 undef
10	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0065	0.0000 undef
		0.0011	0.0000	undef 0.0000
15		0.0122	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0149	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0106	0.4475 2.2349
	· Uterus	0.0017	0.0071	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase			
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017		
30				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
55		0.0000		
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0037		
40		0.0062		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		•
45	•	NODMIEDTE / SI	BTRAHIERTE B	TRITOTHEKEN
43		%Haeufigkeit		IDDIOI IIDIA
	Druct	0.0068	•	
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines_Gewebe	0.0040		
50		0.0012		
50	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel	0.0032		
	Hoden	0.0078	_	
55		0.0000		
-		0.0000		
	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane			
60				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_			%Haeufigkeit	
5		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock		0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef undef
	Gastrointestinal		0.0000	undef undef
10	Gehirn		0.0000	undef undef
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
15		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Uterus		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
25	Duenndarm			•
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
		0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse Blutkoerperchen			
30				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
		0.0000		
40		0.0000		*
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane			
	_			
	•			
45		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
*	Brust	0.0000		•
	Eierstock-Uterus	0.0000		
	Endokrines Gewebe			
50		0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel	0.0000		
		0.0000	_	
55		0.0000	-	
		0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane			•
	Dimesorgane			•
60				
50				

32

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 27

```
NORMAL
                                                TUMOR
                                                             Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                    T/N
                                                             0.0000 undef
5
                           Blase 0.0000
                                                0.0026
                           Brust 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                       Eierstock 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
              Endokrines Gewebe 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                                                             undef undef
               Gastrointestinal 0.0000
                                               0.0000
10
                          Gehirn 0.0000
                                                0.0000
                                                             undef
                                                                    undef
                Haematopoetisch 0.0000
                                                             unde f.
                                                0.0000
                                                                    undef
                            Haut 0.0000
                                                0.0000
                                                             undef
                                                                    undef
                       Hepatisch 0.0000
                                                0.0000
                                                             undef undef
                            Herz 0.0000
                                                0.0000
                                                             undef
                                                                    undef
15
                           Hoden 0.0000
                                                0.0000
                                                             undef undef
                                                             undef 0.0000
                           Lunge 0.0037
                                                0.0000
             Magen-Speiseroehre 0.0000
Muskel-Skelett 0.0000
                                                0.0000
                                                             undef undef
                                                             undef undef
                                                0.0000
                           Niere 0.0000
                                                0.0068
                                                             0.0000 undef
                                                             undef undef
undef undef
20
                        Pankreas 0.0000
                                                0.0000
                          Penis 0.0000
                                                0.0000
                                                             0.0000 undef
                        Prostata 0.0000
                                                0.0064
                          Uterus 0.0017
                                                0.0000
                                                             undef 0.0000
              Brust-Hyperplasie 0.0000
25
                       Duenndarm 0.0000
           Prostata-Hyperplasie 0.0059
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
35
               Gastrointenstinal 0.0000
                         Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0000
                           Lunge 0.0000
40
                           Niere 0.0000
                        Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
45
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0000
                Eierstock-Uterus 0.0000
               Endokrines_Gewebe 0.0000
50
                          Foetal 0.0000
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                     Haut-Muskel 0.0000
                           Hoden 0.0000
55
                           Lunge 0.0000
                          Nerven 0.0000
                        Prostata 0.0192
                    Sinnesorgane 0.0000
```

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000 undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
15		0.0000	0.0000	undef undef
••		0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas		0.0000	undef undef
20		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0106	0.0000 undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie		0.0000	under under
25	Duenndarm	0.0000		
23	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
30	weisse_bidtkoerperchen	0.0000		
30				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
33		0.0000		•
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40		0.0000		
40				•
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
45		MODMIFDE / CIT	BTRAHIERTE BI	BI.TOTHEKEN
40	·	%Haeufigkeit	PINUMITENIE DI	TTTOT HEVER
	Devict	0.0000		
				•
•	Eierstock-Uterus			•
50	Endokrines_Gewebe		•	
50	Foetal			
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch			• •
	Haut-Muskel			
<i>E E</i>		0.0000	•	Ÿ
55	Lunge			
		0.0000		
•	Prostata			*
	Sinnesorgane	0.0000		

65

ъ	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5 Blase	0.0046	0.0000	undef 0.0000
Brust	0.0027	0.0044	0.6116 1.6351
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
Endokrines Gewebe		0.0027	0.6698 1.4930
Gastrointestinal		0.0000	undef undef
	0.0042	0.0088	0.4838 2.0669
Haematopoetisch		0.0000	undef undef
	0.0000	0.0000	undef undef
Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
-	0.0030	0.0137	0.1541 6.4872
	0.0021		undef undef
-		0.0000	
	0.0012	0.0000	undef 0.0000
Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
Muskel-Skelett		0.0120	0.0000 undef
	0.0000	0.0000	undef undef
20 Pankreas		0.0166	0.0000 undef
Penis	0.0000	0.0000	undef undef
Prostata	0.0000	0.0128	0.0000 undef
	0.0017	0.0071	0.2321 4.3088
Brust-Hyperplasie	0.0000		
25 Duenndarm			
Prostata-Hyperplasie	0.0059		
Samenblase			
Sinnesorgane	0.0000		
Weisse Blutkoerperchen			
30			
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
Entwicklung	_		
35 Gastrointenstinal			
	0.0000		
Haematopoetisch			•
Herz-Blutgefaesse			
	0.0000		
	0.0000		
Prostata			
Sinnesorgane	0.0000		
45	NORMIERTE/SIII	BTRAHIERTE BI	RI.TOTHEKEN
	%Haeufigkeit	re	
Bruck	0.0068		
Eierstock-Uterus			
Endokrines_Gewebe 50 Foetal	0.0000 0.0000		
Gastrointestinal	0.0000		•
Haematopoetisch			
Haut-Muskel			
	0.0000	-	
	0.0000		
	0.0060		
Prostata			•
Sinnesorgane	U.0000		
60			
60			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
		0.0000	0.0026	0.0000 undef
		0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0078	0.3895 2.5671
10	Endokrines_Gewebe		0.0027	0.0000 undef
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
	Gehirn		0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000 0.0000	undef undef undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0011	0.0000	undef 0.0000
13		0.0000	0.0234	0.0000 undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm		,	
	Prostata-Hyperplasie		4	
	Samenblase			
20	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
•				
		FOETUS	•	
35	Entwicklung	%Haeufigkeit		
33	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0000		
		0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
4.5				
45				
		•	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
	5	%Haeufigkeit		
50		0.0000		
JO .	Eierstock-Uterus	0.0000		
	Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe	0.0000 0.0000		
	Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe Foetal	0.0000 0.0000 0.0017		
	Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal	0.0000 0.0000 0.0017 0.0000		
	Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch	0.0000 0.0000 0.0017 0.0000 0.0057		
55	Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel	0.0000 0.0000 0.0017 0.0000 0.0057 0.0000		
55	Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden	0.0000 0.0000 0.0017 0.0000 0.0057		·
55	Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge	0.0000 0.0000 0.0017 0.0000 0.0057 0.0000 0.0000		·
55	Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge	0.0000 0.0000 0.0017 0.0000 0.0057 0.0000 0.0000 0.0000		·
55	Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven	0.0000 0.0000 0.0017 0.0000 0.0057 0.0000 0.0000 0.0000 0.0050 0.0000		·

5	Blase	NORMAL %Haeufigkeit 0.0000	TUMOR %Haeufigkeit 0.0077	Verhaeltnisse N/T T/N 0.0000 undef
J		0.0067	0.0065	1.0193 0.9811
	Eierstock	0.0122	0.0052	2.3372 0.4279
	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal		0.0048	0.4071 2.4562
10	Gehirn		0.0033	3.0964 0.3230
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000 undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000 0.0065	0.7651 1.3069
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
15		0.0061	0.0000	undef 0.0000
1.5		0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300 1.5874
	Muskel-Skelett		0.0060	1.4275 0.7005
		0.0030	0.0137	0.2171 4.6066
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0000	0.0128	0.0000 undef
	Uterus		0.0142	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie			
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase			
	Sinnesorgane	0.0235		
20	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017		
30				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
22		0.0563		• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •
	Haematopoetisch	0.0118		
	Herz-Blutgefaesse	0.0082		
	Lunge	0.0111		
40		0.0124		
	Prostata			* *
	Sinnesorgane	0.0000		
45	•	NODMIEDTE / CI	BTRAHIERTE BI	BI.TOTHEKEN
43		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0544	•	
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines Gewebe			
50		0.0058		
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch			•
	Haut-Muskel	0.0097		
	Hoden	0.0000	- 1	
55		0.0000		
		0.0161		
	Prostata			•
•	Sinnesorgane	0.0000		
60				

	NORMAL		TUMOR	Verhae	eltnisse
	%Haeuf	igkeit	%Haeufigkeit		T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn		0.0011	2.3223	0.4306
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
		0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch		0.0000	undef	undef
		0.0000	0.0000	undef	undef
15		0.0000	0.0117	0.0000	undef
		0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef	undef
20		0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas		0.0000	undef	undef
		0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata		0.0128	0.1864	5.3637
	Uterus		0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie				
23	Duenndarm				
	Prostata-Hyperplasie Samenblase				
	Sinnesorgane				
	Weisse Blutkoerperchen				
30	wcrose_brackoerperchen	0.000		•	
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
		•			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointenstinal	0.0031			
	Gehirn				
	Haematopoetisch				,
40	Herz-Blutgefaesse				
40		0.0037			
		0.0000			
	Prostata				
	Sinnesorgane	0.0140			
45					
40		NODMTEDER / CO	BTRAHIERTE BIE	or Tomureven	
		%Haeufigkeit	DIKWUTEKIE DI	PLIOINEKEN	
	•	macarrancre			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0000		•	
	Endokrines Gewebe	0.0000		:	•
	_Foetal	0.0076		•	
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch		•		
55	Haut-Muskel				
		0.0000			
		0.0082			
	Nerven				
60	Prostata				
UU	Sinnesorgane	0.0000			

		NODMAT	TIMOD	Verhaeltnisse
		NORMAL %Haeufickeit	TUMOR %Haeufigkeit	
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000 undef
3		0.0013	0.0044	0.3058 3.2702
	Eierstock		0.0052	0.5843 1.7114
	Endokrines_Gewebe		0.0054	0.3349 2.9861
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
10	Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000 undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0378	0.0000 undef
	Haut	0.0050	0.1693	0.0294 34.0525
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
		0.0064	0.0000	undef 0.0000
15		0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
	Lunge	0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
		0.0089	0.0000	undef 0.0000 undef undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef 0.0000
		0.0030	0.0000 0.0128	0.1864 5.3637
	Prostata	0.0024	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie		0.0000	under order
25	Duenndarm			
23	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
30	WCIBBC_BIGGNOOIPGIGG			
50				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			•
		0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0037		
40	= ::	0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
45		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
43		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0000		
	Endokrines Gewebe	0.0000		
50	Foetal	0.0041		
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0114		
	Haut-Muskel	0.0065		•
		0.0000		
55		0.0000		
	Nerven	0.0030		
	Prostata	0.0064		•
	Sinnesorgane	0.0000		
60				
60				

39

```
NORMAL
                                               TUMOR
                                                             Verhaeltnisse
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                  T/N
                                                             0.0000 undef
5
                           Blase 0.0000
                                               0.0179
                           Brust 0.0013
                                               0.0044
                                                             0.3058 3.2702
                      Eierstock 0.0030
                                               0.0026
                                                             1.1686 0.8557
              Endokrines Gewebe 0.0018
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
               Gastrointestinal 0.0097
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
10
                          Gehirn 0.0000
                                               0.0022
                                                             0.0000 undef
                Haematopoetisch 0.0014
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                            Haut 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                                                             undef undef undef
                      Hepatisch 0.0000
                                               0.0000
                            Herz 0.0000
                                               0.0000
15
                           Hoden 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                                                             undef 0.0000
                           Lunge 0.0012
                                               0.0000
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                                               0.0077
                                                             0.0000 undef
                 Muskel-Skelett 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                                                             0.0000 undef
                           Niere 0.0000
                                               0.0068
20
                        Pankreas 0.0000
                                               0.0055
                                                             0.0000 undef
                                                             undef undef
0.0533 18.7729
                           Penis 0.0000
                                               0.0000
                        Prostata 0.0024
                                               0.0447
                                                             0.0000 undef
                          Uterus 0.0000
                                               0.0071
              Brust-Hyperplasie 0.0109
25
                       Duenndarm 0.0000
           Prostata-Hyperplasie 0.0030
                      Samenblase 0.0089
                    Sinnesorgane 0.0000
         Weisse Blutkoerperchen 0.0000
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
              Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0000
35
                        Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0000
                           Lunge 0.0037
40
                           Niere 0.0062
                        Prostata 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
45
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0000
               Eierstock-Uterus 0.0000
              Endokrines_Gewebe 0.0000
50
                         Foetal 0.0000
               Gastrointestinal 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0000
                           Hoden 0.0000
55
                           Lunge 0.0082
                          Nerven 0.0010
                        Prostata 0.0064
                    Sinnesorgane 0.0000
```

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5		0.0000	0.0051	0.0000 undef
,		0.0053	0.0153	0.3495 2.8614
	Eierstock	0.0091	0.0182	0.5008 1.9967
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0191	0.2870 3.4837
	Gastrointestinal	0.0252	0.0238	1.0585 0.9447
10	Gehirn	0.0068	0.0153	0.4423 2.2607
10	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0065	1.5303 0.6535
		0.0000	0.0412	0.0000 undef
15		0.0000	0.0000	undef undef
13		0.0025	0.0095	0.2634 3.7971
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7130 0.5838
		0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
00	Pankreas		0.0221	0.1714 5.8337
20		0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0532	0.4922 2.0317
	Prostata	0.0262	0.0332	0.2321 4.3088
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321 4.3003
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
25	Duenndarm	0.0125		
	Prostata-Hyperplasie	0.0119		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
30	-			
		FOETUS		
		%Haeufigkeit	:	
	Entwicklung	0.0154		
35	Gastrointenstinal			
		0.0125		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0041		
*	Lunge	0.0000		
40		0.0000		
-10	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane			
45			JBTRAHIERTE B	IBLIOTHEKEN
		%Haeufigkei	t ·	
	Brust	0.0136		
	Eierstock-Uterus	0.0137		•
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
50	Foetal			*
30	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haematopoetisti Haut-Muskel	0.0097		
	naut-muskel	0.0000	-	
6.5	Hoder	0.0082		
55	Lunge	1.0.0110		
	nervei	1.0.0110		
	Prostata	0.0321		,
	Sinnesorgane	3 0.0000		
60				•

```
TUMOR
                                 NORMAL.
                                                             Verhaeltnisse
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                                                             0.9092 1.0998
5
                           Blase 0.0046
                                               0.0051
                           Brust 0.0080
                                               0.0087
                                                             0.9174 1.0901
                                                             undef 0.0000
                      Eierstock 0.0061
                                               0.0000
              Endokrines_Gewebe 0.0073
                                               0.0054
                                                             1.3396 0.7465
               Gastrointestinal 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
10
                          Gehirn 0.0051
                                               0.0088
                                                             0.5806 1.7224
                Haematopoetisch 0.0070
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                            Haut 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                                                             undef undef undef undef 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
                                               0.0000
                            Herz 0.0021
                                               0.0000
15
                           Hoden 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                                               0.0024
                                                             2.6336 0.3797
                           Lunge 0.0062
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                                               0.0077
                                                             0.0000 undef
                 Muskel-Skelett 0.0086
                                                             undef 0.0000
                                               0.0000
                                               0.0068
                           Niere 0.0059
                                                             0.8683 1.1517
                                                             undef 0.0000
undef 0.0000
20
                        Pankreas 0.0057
                                               0.0000
                           Penis 0.0090
                                               0.0000
                        Prostata 0.0048
                                               0.0128
                                                             0.3729 2.6818
                                               0.0071
                          Uterus 0.0083
                                                             1.1604 0.8618
              Brust-Hyperplasie 0.0000
25
                       Duenndarm 0.0125
           Prostata-Hyperplasie 0.0059
                      Samenblase 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
         Weisse Blutkoerperchen 0.0061
30
                                 FOETUS
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0031
35
                          Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0041
                           Lunge 0.0037
40
                           Niere 0.0185
                        Prostata 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
45
                                 %Haeufigkeit
                           Brust 0.0000
               Eierstock-Uterus 0.0068
              Endokrines_Gewebe 0.0000
50
                         Foetal 0.0012
               Gastrointestinal 0.0122
                Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0000
                           Hoden 0.0000
55
                           Lunge 0.0328
                          Nerven 0.0080
                        Prostata 0.0064
                    Sinnesorgane 0.0000
60
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit		N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Brust	0.0040	0.0044	0.9174 1.0901
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000 0.2036 4.9124
	Gastrointestinal		0.0095	0.2036 4.9124 0.0000 undef
10	Gehirn		0.0055	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000 0.0000	undef 0.0000
		0.0050	0.0194	0.0000 undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef 0.0000
		0.0021 0.0000	0.0000	undef undef
15		0.0012	0.0047	0.2634 3.7971
	Lunge	0.0012	0.0077	1.2599 0.7937
	Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett	0.0097	0.0000	undef undef
		0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
20	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
20		0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata		0.0298	0.1598 6.2576
		0.0033	0.0071	0.4642 2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
25	Duenndarm	0.0031		
23	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse Blutkoerperchen	0.0026		
30	—			
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0154		
35	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse	0.0041 0.0111		
40	Nioro	0.0000		
40	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane		•	•
	Simesorgane	0.000		
45	•	NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE B	IBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0160		. •
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
50	Foetal			
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		•
	Haut-Muskel	0.0000		*
		0.0000	• =	
55	Lunge	0.0000		
	Nerver	0.0030		
	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0155		
60				
60				

```
NORMAL
                                               TUMOR
                                                             Verhaeltnisse
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                           Blase 0.0000
5
                                                             0.0000 undef
                                               0.0026
                          Brust 0.0067
                                               0.0065
                                                             1.0193 0.9811
                      Eierstock 0.0061
                                                             1.1686 0.8557
                                               0.0052
              Endokrines_Gewebe 0.0055
                                               0.0027
                                                             2.0093 0.4977
               Gastrointestinal 0.0019
                                               0.0048
                                                             0.4071 2.4562
10
                          Gehirn 0.0008
                                               0.0044
                                                             0.1935 5.1673
                Haematopoetisch 0.0042
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                            Haut 0.0050
                                                             undef 0.0000
undef 0.0000
                                               0.0000
                      Hepatisch 0.0099
                                               0.0000
                           Herz 0.0064
                                                             0.2312 4.3248
                                               0.0275
                           Hoden 0.0061
15
                                               0.0117
                                                             0.5224 1.9144
                                                             1.2290 0.8137
                           Lunge 0.0087
                                               0.0071
             Magen-Speiseroehre 0.0097
                                               0.0077
                                                             1.2599 0.7937
                 Muskel-Skelett 0.0086
                                               0.0060
                                                             1.4275 0.7005
                           Niere 0.0059
                                               0.0068
                                                             0.8683 1.1517
                                                             undef undef 0.0000 undef
20
                        Pankreas 0.0000
                                               0.0000
                           Penis 0.0000
                                               0.0533
                        Prostata 0.0024
                                               0.0170
                                                             0.1398 7.1516
                         Uterus 0.0066
                                             0.0142
                                                             0.4642 2.1544
              Brust-Hyperplasie 0.0000
25
                      Duenndarm 0.0062
           Prostata-Hyperplasie 0.0000
                     Samenblase 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0118
         Weisse Blutkoerperchen 0.0000
30
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
35
              Gastrointenstinal 0.0092
                          Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0118
              Herz-Blutgefaesse 0.0204
                           Lunge 0.0185
40
                           Niere 0.0247
                        Prostata 0.0249
                   Sinnesorgane 0.0000
45
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
                           Brust 0.0136
               Eierstock-Uterus 0.0023
              Endokrines Gewebe 0.0000
50
                          Foetal 0.0111
               Gastrointestinal 0.0000
                Haematopoetisch 0.0057
                   Haut-Muskel 0.0194
                           Hoden 0.0000
55
                           Lunge 0.0328
                          Nerven 0.0020
                        Prostata 0.0064
                   Sinnesorgane 0.0000
```

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5		0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
10	Gehirn		0.0000	undef undef
10	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
15		0.0000	0.0000	undef undef
13		0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
20			0.0000	undef undef
20	Pankreas			under under under
		0.0000	0.0000	0.0932 10.7274
	Prostata		0.0255	undef undef
		0.0000	0.0000	under under
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
		0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
30				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointenstinal	0.0000		
		0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
40	Niere	0.0000		
••	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane			
45		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit	:	
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0000		
	Endokrines Gewebe			
50	Foetal			
50	Gastrointestinal	0.0000		•
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel	0.0000		
		0.0000		
55		0.0000	· ·	
22		0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.000		
	Sinnesorgane	0.000		•
60				
w				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5			%Haeufigkeit	
•	Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef
		0.0000	0.0022	0.0000 undef
	Eierstock		0.0000	undef undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal		0.0000	undef undef
	Gehirn		0.0033	0.2580 3.8754
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0065	0.0000 undef
15		0.0000	0.0000	undef undef
••		0.0061	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20		0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata		0.0192	0.2486 4.0228
	Uterus		0.0142	0.1160 8.6176
25	Brust-Hyperplasie		*****	***************************************
20	Duenndarm	0.0000	•	
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	Weisse Blutkoerperchen			
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung			•
	Gastrointenstinal			
		0.0000		
	Haematopoetisch			•
40	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0000		
		0.0000	1	
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
73		NORMTERTE/SII	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEREN
		%Haeufigkeit	D.1.4.11.11.11.11.11.11.11.11.11.11.11.11	
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines Gewebe			
50		0.0012		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel		-	
55		0.0000		
55		0.0082		
		0.0002		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
60	o i i i i i i i i i i i i i i i i i i i	000		
00				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
•	Blase	0.0046	0.0077	0.6062 1.6497
		0.0027	0.0022	1.2232 0.8176
	Eierstock		0.0026	1.1686 0.8557
	Endokrines Gewebe		0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
10	Gehirn		0.0022	3.4835 0.2871
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	$0.0000 \mathrm{undef}$
15		0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0071	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710 1.7513
20	Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0048	0.0149	0.3196 3.1288
	Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0062		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017		
		FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung	_		
33	Gastrointenstinal	0.0062		
	Gastiointenstina Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse	0.0041		
40	Lunge	0.0037		
40		0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
46				
45		NORMTERTE/SU	JBTRAHIERTE B	IBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0068	,	
	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
50	Foetal	0.0017		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000	-	•
55		0.0000		
		0.0000		
	Nerven	0.0070		
	Prostata	0.0064		
	Sinnesorgane			
60				

47

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0093	0.0128	0.7274 1.3748
	Brust	0.0053	0.0022	2.4463 0.4088
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686 0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0082	1.3396 0.7465
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143 1.2281
10	Gehirn	0.0042	0.0153	0.2765 3.6171
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
	Lunge	0.0075	0.0024	3.1603 0.3164
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2599 0.7937
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0137	0.0000 undef
20	Pankreas	0.0057	0.0110	0.5143 1.9446
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0048	0.0106	0.4475 2.2349
	Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145		
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase			
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse Blutkoerperchen			
30	_ `			
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointenstinal	0.0123		
	Gehirn	0.0063		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0123		
	Lunge	0.0037		
40	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
-	Sinnesorgane	0.0000		
	_			
45		NORMIERTE/SUI	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit	-	
		0.0136		
	Eierstock-Uterus	0.0160		**
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
50	Foetal	0.0140		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel	0.0130		
		0.0156		
55	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0090		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 142

			mrnvon	Verhaeltnisse
		NORMAL	TUMOR %Haeufigkeit	
_	nlage	0.0093	0.0026	3.6370 0.2750
5		0.0093	0.0131	0.5096 1.9621
	Eierstock		0.0130	0.9349 1.0696
	Endokrines_Gewebe	0.0122	0.0027	1.3396 0.7465
	Gastrointestinal	0.0050	0.0048	1.2214 0.8187
10	Gastrointestinai	0.0050	0.0044	3.6770 0.2720
10	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303 0.6535
	Herz	0.0117	0.0000	undef 0.0000
15		0.0000	0.0117	0.0000 undef
13		0.0075	0.0189	0.3950 2.5314
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420 0.8756
		0.0000	0.0068	0.0000 undef
20	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
20	Penis	0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797 3.5758
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
25	Duenndarm	0.0125		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017		
30				
		DODWIG.		
		FOETUS	-	
	m	%Haeufigkeit	•	
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointenstinal	0.0092		
	Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Herz-Blutgelaesse	0.0148		
40	Niere	0.0000		+ +
40	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0140		
	Simesorgane	. 0.02.0		
45		NORMIERTE/S	UBTRAHIERTE B	IBLIOTHEKEN
15		%Haeufigkei	t	
		0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0023		
	Endokrines_Gewebe	e 0.0000		
50	Foeta	1 0.0012		
	Gastrointestina	1 0.0000		
	Haematopoetisc	h 0.0114		•
	Haut-Muske	1 0.0000		
	Hode	n 0.0000	· -	
55	Lung	e 0.0410		
	Nerve	n 0.0090		
	Prostat	a 0.0192		
	Sinnesorgan	e 0.0000		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_		%Haeufigkeit	•	
5	B_Lymphom		0.0000	undef 0.0000
		0.0039	0.0141	0.2766 3.6156
		0.0062	0.0056	1.0959 0.9125
	Dickdarm		0.0028	2.0184 0.4955
10	Duenndarm		0.0107	0.0000 undef
10	Eierstock		0.0024	2.4887 0.4018
	Endokrines_Gewebe		0.0142	0.1132 8.8363
	Gehirn		0.0140	0.1658 6.0318
		0.0037	0.0000	undef 0.0000
1.6	Hepatisch		0.0063	0.0000 undef
15		0.0061	0.0137	0.4430 2.2572
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0029	0.0074	0.3947 2.5338
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett		0.0185	0.0928 10.778
20		0.0067	0.0048	1.3927 0.7180
•	Pankreas		0.0055	1.4958 0.6685
	Prostata		0.0143	0.4604 2.1719
	T_Lymphom		0.0000	undef undef
25	Uterus		0.0138	0.7497 1.3339
25	Weisse_Blutkoerperchen		0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Samenblase			
30	Sinnesorgane	0.0000		
30				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	_		
35	Gastrointenstinal			
55	Gehirn			
	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
		0.0000		
	Nebenniere			
		0.0000		
	Placenta			
45	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	. •		÷	
	•	NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE B	IBLIOTHEKEN
50		%Haeufigkeit		
		0.0068		
	Brust_t			
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000	-	
55	Eierstock_t	0.0354		•
	Endokrines_Gewebe	0.0245		
•		0.0029		
	Gastrointestinal			•
	Haematopoetisch	0.0000		
60	Haut-Muskel			
	Hoden_n	0.0125		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0000		
	Lunge_t			
65		0.0131		
	Niere_t			
	Ovar_Uterus			
	Prostata_n	0.0182		
	Sinnesorgane	0.0000		
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		•
				

TUMOR

```
Verhaeltnisse
                                  NORMAL
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                                                              undef 0.0000
                                                0.0000
5
                       B Lymphom 0.0025
                                                              0.3387 2.9527
                           Blase 0.0390
                                                0.1151
                                                              9.3932 0.1065
                                                0.0014
                           Brust 0.0132
                        Dickdarm 0.0498
                                                0.0114
                                                              4.3731 0.2287
                                                              undef 0.0000
                                                0.0000
                       Duenndarm 0.0165
                       Eierstock 0.0000
                                                              0.0000 undef
                                                0.0072
10
                                                0.0124
                                                              0.1293 7.7318
               Endokrines_Gewebe 0.0016
                                                              1.8568 0.5386
                          Gehirn 0.0278
                                                0.0150
                            Haut 0.0000
                                                0.0000
                                                              undef undef
                                                              0.0000 undef
                       Hepatisch 0.0000
                                                0.0127
                            Herz 0.0000
                                                0.0550
                                                              0.0000 undef
15
                                                              undef undef
undef 0.0000
                                                0.0000
                            Hoden 0.0000
                           Lunge 0.0156
                                                 0.0000
                                                              2.2671 0.4411
                                                 0.0064
             Magen-Speiseroehre 0.0145
                                                              0.2319 4.3114
                  Muskel-Skelett 0.0017
                                                 0.0074
                                                              1.3927 0.7180
                                                 0.0048
                           Niere 0.0067
20
                                                              0.4487 2.2285
                         Pankreas 0.0248
                                                 0.0552
                                                              0.5463 1.8304
                         Prostata 0.0349
                                                 0.0638
                                                              undef 0.0000
undef 0.0000
                        T_Lymphom 0.0076
                                                 0.0000
                           Uterus 0.0089
                                                 0.0000
                                                               undef 0.0000
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0157
                                                 0.0000
25
                 Haematopoetisch 0.0080
                            Penis 0.0027
                       Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
                      Entwicklung 0.0000
               Gastrointenstinal 0.0056
35
                           Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0079
                             Haut 0.0000
                        Hepatisch 0.0000
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
40
                            Lunge 0.0000
                       Nebenniere 0.0000
                            Niere 0.0124
                         Placenta 0.0182
                         Prostata 0.0000
45
                     Sinnesorgane 0.0000
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                   %Haeufigkeit
 50
                            Brust 0.0000
                          Brust t 0.0000
                       Dickdarm t 0.0000
                      Eierstock_n 0.0000
Eierstock_t 0.0203
 55
                Endokrines_Gewebe 0.0000
                            Foetal 0.0017
                 Gastrointestinal 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0257
 60
                      Haut-Muskel 0.0000
                           Hoden_n 0.0000
                           Hoden_t 0.0000
Lunge_n 0.0000
                           Lunge t 0.0000
                            Nerven 0.0010
 65
                           Niere t 0.0000
                       Ovar Uterus 0.0090
                        Prostata_n 0.0000
                      Sinnesorgane 0.0000
           Weisse Blutkoerperchen 0.0000
 70
```

NORMAL

51

TUMOR

```
Verhaeltnisse

      Haeufigkeit
      Haeufigkeit
      N/T
      T/N

      0.0075
      0.0000
      undef
      0.0000

      0.0078
      0.0094
      0.8297
      1.2052

 5
                          B_Lymphom 0.0075
                              Blase 0.0078
                              Brust 0.0044
                                                                     1.0437 0.9581
                                                     0.0042
                           Dickdarm 0.0038
                                                      0.0000
                                                                     undef 0.0000
                          Duenndarm 0.0165
                                                      0.0213
                                                                     0.7730 1.2937
10
                         Eierstock 0.0030
                                                     0.0048
                                                                     0.6222 1.6073
                Endokrines Gewebe 0.0000
                                                      0.0018
                                                                     0.0000 undef
                             Gehirn 0.0081
                                                     0.0070
                                                                     1.1605 0.8617
                                Haut 0.0037
                                                      0.0000
                                                                     undef 0.0000
                          Hepatisch 0.0093
                                                                     1.4649 0.6826
                                                      0.0063
15
                                Herz 0.0030
                                                      0.0275
                                                                     0.1108 9.0287
                              Hoden 0.0040
                                                      0.0059
                                                                     0.6786 1.4737
                              Lunge 0.0000
                                                      0.0037
                                                                     0.0000 undef
                                                                     undef undef
undef 0.0000
undef 0.0000
0.8975 1.1142
               Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                      0.0000
                                                      0.0000
                    Muskel-Skelett 0.0017
20
                              Niere 0.0090
                                                      0.0000
                           Pankreas 0.0050
                                                      0.0055
                           Prostata 0.0047
                                                      0.0091
                                                                     0.5168 1.9350
                          T_Lymphom 0.0051
                                                      0.0075
                                                                     0.6762 1.4788
                             Uterus 0.0015
                                                      0.0046
                                                                     0.3213 3.1125
25
          Weisse Blutkoerperchen 0.0027
                                                      0.0000
                                                                     undef 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0053
                              Penis 0.0054
                         Samenblase 0.0070
                      Sinnesorgane 0.0118
30
                                      FOETUS
                                      %Haeufigkeit
                       Entwicklung 0.0139
                Gastrointenstinal 0.0028
35
                             Gehirn 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0000
                                Haut 0.0000
                          Hepatisch 0.0000
40
                Herz-Blutgefaesse 0.0000
                              Lunge 0.0000
                         Nebenniere 0.0000
                              Niere 0.0000
                           Placenta 0.0061
45
                          Prostata 0.0000
                      Sinnesorgane 0.0000
                                      NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                      %Haeufigkeit
                              Brust 0.0000
                            Brust t 0.0000
                         Dickdarm_t 0.0000
                       Eierstock_n 0.0000 · Eierstock_t 0.0253
55
                Endokrines_Gewebe 0.0000
                             Foetal 0.0064
                  Gastrointestinal 0.0000
                   Haematopoetisch 0.0257
60
                       Haut-Muskel 0.0000
                            Hoden_n 0.0084
Hoden_t 0.0000
                            Lunge_n 0.0195
                            Lunge_t 0.0000
65
                             Nerven 0.0070
                            Niere t 0.0000
                        Ovar Uterus 0.0158
                         Prostata_n 0.0000
                       Sinnesorgane 0.0155
70
           Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

TUMOR

Verhaeltnisse

```
NORMAL
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                                                             undef 0.0000
                       B Lymphom 0.0025
5
                                                0.0000
                                                             0.2766 3.6156
                           Blase 0.0039
                                                0.0141
                                                             2.1917 0.4563
                                                0.0028
                           Brust 0.0062
                        Dickdarm 0.0057
                                               0.0028
                                                             2.0184 0.4955
                                                             0.0000 undef
                       Duenndarm 0.0000
                                                0.0107
                                                             2.4887 0.4018
                       Eierstock 0.0059
                                                0.0024
10
                                                0.0106
                                                              0.1509 6.6272
              Endokrines Gewebe 0.0016
                                                             0.5803 1.7234
                          Gehirn 0.0046
                                                0.0080
                                                0.0000
                                                             undef 0.0000
                            Haut 0.0037
                                                              undef undef
                                                0.0000
                       Hepatisch 0.0000
                            Herz 0.0041
                                                0.0137
                                                              0.2954 3.3858
15
                                                              undef undef
                                                0.0000
                           Hoden 0.0000
                           Lunge 0.0039
                                                0.0055
                                                              0.7016 1.4253
                                                              undef 0.0000
                                                0.0000
             Magen-Speiseroehre 0.0145
                                                              0.0928 10.7785
                  Muskel-Skelett 0.0017
                                                0.0185
                                                0.0048
                                                              0.9285 1.0770
                           Niere 0.0045
20
                                                              1.1966 0.8357
                        Pankreas 0.0066
                                                0.0055
                                                0.0130
                                                              0.4341 2.3036
                        Prostata 0.0057
                       T_Lymphom 0.0000
                                                              undef undef
                                                0.0000
                          Uterus 0.0074
                                                              1.6064 0.6225
                                                0.0046
                                                              undef 0.0000
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0014
                                                0.0000
25
                 Haematopoetisch 0.0040
                           Penis 0.0000
                      Samenblase 0.0211
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
               Gastrointenstinal 0.0056
35
                           Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
Haut 0.0000
                        Hepatisch 0.0000
               Herz-Blutgefaesse 0.0071
40
                            Lunge 0.0000
                       Nebenniere 0.0000
                            Niere 0.0000
                         Placenta 0.0121
                         Prostata 0.0000
45
                     Sinnesorgane 0.0000
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                   %Haeufigkeit
 50
                            Brust 0.0068
                          Brust t 0.0000
                       Dickdarm t 0.0000
                      Eierstock_n 0.0000
               Eierstock_t 0.0304
Endokrines_Gewebe 0.0245
 55
                           Foetal 0.0046
                 Gastrointestinal 0.0122
                  Haematopoetisch 0.0000
 60
                      Haut-Muskel 0.0000
                          Hoden_n 0.0209
                          Hoden t 0.0000
Lunge n 0.0000
                          Lunge t 0.0000
                           Nerven 0.0141
 65
                          Niere t 0.0000
                      Ovar_Uterus 0.0203
                        Prostata n 0.0182
                      Sinnesorgane 0.0000
           Weisse Blutkoerperchen 0.0000
 70
```

TUMOR

```
NORMAL
                                                             Verhaeltnisse
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                   T/N
                                                             undef 0.0000
                      B_Lymphom 0.0125
                                               0.0000
5
                           Blase 0.0039
                                               0.0141
                                                             0.2766 3.6156
                           Brust 0.0079
                                                             0.5636 1.7743
                                               0.0141
                       Dickdarm 0.0038
                                               0.0057
                                                             0.6728 1.4864
                      Duenndarm 0.0027
                                               0.0107
                                                             0.2577 3.8812
10
                      Eierstock 0.0000
                                               0.0095
                                                             0.0000 undef
              Endokrines_Gewebe 0.0161
                                                             0.6964 1.4359
                                               0.0231
                                               0.0229
                                                             0.6812 1.4681
                          Gehirn 0.0156
                            Haut 0.0110
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
                                                             0.0000 undef
                                               0.0190
15
                            Herz 0.0132
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                           Hoden 0.0080
                                                             0.6786 1.4737
                                               0.0118
                                               0.0055
                                                             1.7540 0.5701
                           Lunge 0.0097
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                                               0.0064
                                                             0.0000 undef
                                                             undef 0.0000
5.1067 0.1958
                                               0.0000
                 Muskel-Skelett 0.0086
20
                           Niere 0.0246
                                               0.0048
                       Pankreas 0.0116
                                                             2.0941 0.4775
                                               0.0055
                       Prostata 0.0104
                                               0.0221
                                                             0.4682 2.1360
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                       T_Lymphom 0.0152
                                                             0.9638 1.0375
                          Uterus 0.0089
                                               0.0092
25
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0027
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                Haematopoetisch 0.0107
                           Penis 0.0054
                      Samenblase 0.0493
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                 %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0000
35
                          Gehirn 0.0125
                Haematopoetisch 0.0079
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0036
40
                           Lunge 0.0108
                      Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0309
                        Placenta 0.0000
45
                        Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0068
                         Brust t 0.0000
                      Dickdarm_t 0.0000
                     Eierstock n 0.0000
                     Eierstock t 0.0557
55
               Endokrines_Gewebe 0.0735
                          Foetal 0.0023
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                     Haut-Muskel 0.0130
60
                         Hoden_n 0.0125
                         Hoden_t 0.0000
                         Lunge n 0.0000
                         Lunge t 0.0000
65
                          Nerven 0.0020
                         Niere t 0.0000
                     Ovar_Uterus 0.0248
                      Prostata n 0.0121
                    Sinnesorgane 0.0000
 70
          Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

Verhaeltnisse

TUMOR

PCT/DE99/00721

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 149

NORMAL

```
%Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
5
                        B Lymphom 0.0000
                                                   0.0000
                                                                  undef undef
                             Blase 0.0000
                                                   0.0000
                                                                  undef undef
                             Brust 0.0000
                                                   0.0042
                                                                  0.0000 undef
                         Dickdarm 0.0000
                                                                  0.0000 undef
                                                   0.0028
                        Duenndarm 0.0000
Eierstock 0.0000
                                                                  undef undef
undef undef
                                                   0.0000
10
                                                   0.0000
               Endokrines_Gewebe 0.0032
                                                                  undef 0.0000
                                                   0.0000
                            Gehirn 0.0000
                                                                  0.0000 undef
                                                   0.0010
                                                                  undef undef
undef undef
                              Haut 0.0000
                                                   0.0000
                        Hepatisch 0.0000
                                                   0.0000
15
                             Herz 0.0000
                                                   0.0000
                                                                  undef undef
                             Hoden 0.0000
Lunge 0.0010
                                                                  undef undef
undef 0.0000
                                                   0.0000
                                                   0.0000
                                                                  undef undef
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                   0.0000
                   Muskel-Skelett 0.0000
                                                   0.0000
                                                                  undef undef
                                                                  undef 0.0000
undef undef
20
                             Niere 0.0045
                                                   0.0000
                          Pankreas 0.0000
                                                   0.0000
                          Prostata 0.0019
                                                   0.0039
                                                                  0.4823 2.0732
                         T_Lymphom 0.0051
Uterus 0.0000
                                                                  undef 0.0000
undef undef
undef 0.0000
                                                   0.0000
                                                   0.0000
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0014
25
                                                   0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                             Penis 0.0000
                       Samenblase 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
30
                                    FOETUS
                                    %Haeufigkeit
                      Entwicklung 0.0000
               Gastrointenstinal 0.0000
35
                            Gehirn 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0079
Haut 0.0000
                         Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
                             Lunge 0.0000
                       Nebenniere 0.0000
                             Niere 0.0000
                          Placenta 0.0000
45
                          Prostata 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
                                    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                    %Haeufigkeit
                             Brust 0.0000
                           Brust_t 0.0000
                        Dickdarm t 0.0000
                      Eierstock_n 0.0000
Eierstock_t 0.0000
55
                Endokrines_Gewebe 0.0000
                            Foetal 0.0012
                 Gastrointestinal 0.0244
                  Haematopoetisch 0.0000
60
                       Haut-Muskel 0.0032
                           Hoden_n 0.0000
                           Hoden_t 0.0000
                           Lunge_n 0.0000
                           Lunge t 0.0000
                           Nerven 0.0050
Niere_t 0.0000
65
                       Ovar Uterus 0.0045
                        Prostata_n 0.0000
                      Sinnesorgane 0.0077
70
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                                TUMOR
                                                              Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                                                              undef 0.0000
                       B Lymphom 0.0100
                                                0.0000
5
                           Blase 0.0117
                                                              1.2446 0.8035
                                                0.0094
                                                              2.5048 0.3992
                           Brust 0.0035
                                                0.0014
                                                              1.3456 0.7432
                        Dickdarm 0.0038
                                                0.0028
                                                              undef 0.0000
                                                0.0000
                       Duenndarm 0.0055
                       Eierstock 0.0059
                                                0.0048
                                                              1.2443 0.8036
10
                                                              0.6036 1.6568
              Endokrines Gewebe 0.0032
                                                0.0053
                          Gehirn 0.0029
                                                0.0070
                                                              0.4145 2.4127
                                                              undef undef 0.0000 undef
                                                0.0000
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
                                                0.0190
                            Herz 0.0051
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
15
                                                              undef 0.0000
                           Hoden 0.0040
                                                0.0000
                           Lunge 0.0039
                                                0.0055
                                                              0.7016 1.4253
                                                              undef undef
undef 0.0000
undef 0.0000
undef 0.0000
                                                0.0000
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0017
                                                0.0000
                                                0.0000
20
                           Niere 0.0067
                        Pankreas 0.0017
                                                0.0000
                        Prostata 0.0038
                                                0.0052
                                                              0.7235 1.3821
                       T_Lymphom 0.0101
                                                              0.6762 1.4788
                                                0.0149
                          Uterus 0.0015
                                                0.0046
                                                              0.3213 3.1125
                                                              undef 0.0000
         Weisse Blutkoerperchen 0.0048
                                                0.0000
25
                 Haematopoetisch 0.0094
                            Penis 0.0000
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
35
               Gastrointenstinal 0.0028
                          Gehirn 0.0125
                 Haematopoetisch 0.0079
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
40
                            Lunge 0.0072
                      Nebenniere 0.0000
                            Niere 0.0185
                         Placenta 0.0061
                         Prostata 0.0000
45
                    Sinnesorgane 0.0000
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
 50
                                   %Haeufigkeit
                            Brust 0.0204
                          Brust_t 0.0000
                       Dickdarm t 0.0000
                      Eierstock_n 0.0000
                     Eierstock t 0.0152
 55
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                           Foetal 0.0012
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0257
                      Haut-Muskel 0.0000
 60
                          Hoden n 0.0042
                          Hoden_t 0.0000
Lunge_n 0.0000
                          Lunge t 0.0000
                           Nerven 0.0100
 65
                          Niere t 0.0000
                      Ovar Uterus 0.0090
                       Prostata_n 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
 70
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

WO 99/46374 56 PCT/DE99/00721

```
NORMAL
                                                  TUMOR
                                                                Verhaeltnisse
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                        T/N
5
                        B Lymphom 0.0000
                                                  0.0000
                                                                undef undef
                                                                 0.0000 undef
                            Blase 0.0000
                                                . 0.0023
                                                                undef undef
undef undef
                            Brust 0.0000
                                                  0.0000
                         Dickdarm 0.0000
                                                  0.0000
                        Duenndarm 0.0000
                                                  0.0000
                                                                undef undef
10
                        Eierstock 0.0000
                                                  0.0000
                                                                 undef undef
                                                                 0.0000 undef
               Endokrines Gewebe 0.0000
                                                  0.0071
                                                                 0.0000 undef
                           Gehirn 0.0000
                                                  0.0010
                             Haut 0.0000
                                                  0.0000
                                                                 undef undef
                                                                undef undef undef
                        Hepatisch 0.0000
                                                  0.0000
                             Herz 0.0000
15
                                                  0.0000
                            Hoden 0.0000
                                                  0.0000
                                                                undef undef
                            Lunge 0.0000
                                                  0.0000
                                                                undef undef
                                                                undef undef undef
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                  0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0000
                                                  0.0000
20
                            Niere 0.0000
                                                  0.0000
                                                                undef undef
                                                                undef undef
0.2412 4.1464
                         Pankreas 0.0000
                                                  0.0000
                         Prostata 0.0009
                                                  0.0039
                        T_Lymphom 0.0000
                                                  0.0075
                                                                 0.0000 undef
                                                  0.0000
                           Uterus 0.0015
                                                                undef 0.0000
25
          Weisse Blutkoerperchen 0.0007
                                                  0.0000
                                                                 undef 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                            Penis 0.0000
                       Samenblase 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
                      Entwicklung 0.0000
35
               Gastrointenstinal 0.0000
                           Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                        Haut 0.0000
Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
                            Lunge 0.0000
                       Nebenniere 0.0000
                            Niere 0.0000
                         Placenta 0.0000
45
                         Prostata 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                   %Haeufigkeit
                             Brust 0.0000
                       Brust_t 0.0000
Dickdarm_t 0.0000
                      Eierstock_n 0.0000
Eierstock_t 0.0000
55
               Endokrines Gewebe 0.0000
                            Foetal 0.0035
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
Haut-Muskel 0.0032
60
                          Hoden_n 0.0000
                          Hoden_t 0.0000
                          Lunge n 0.0000
Lunge t 0.0000
.65
                           Nerven 0.0010
                          Niere_t 0.0000
                      Ovar Uterus 0.0000
                       Prostata_n 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
70
```

PCT/DE99/00721

```
NORMAL
                                                  TUMOR
                                                                 Verhaeltnisse
                                    %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                       T/N
                                                                undef undef
 5
                        B Lymphom 0.0000
                                                  0.0000
                                                                 0.0000 undef
                             Blase 0.0000
                                                  0.0047
                             Brust 0.0009
                                                  0.0014
                                                                 0.6262 1.5969
                                                                undef 0.0000
undef undef
                         Dickdarm 0.0038
                                                  0.0000
                        Duenndarm 0.0000
                                                  0.0000
10
                                                                 0.0000 undef
                        Eierstock 0.0000
                                                  0.0024
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                                                  0.0000
                                                                 undef undef
                           Gehirn 0.0006
Haut 0.0000
                                                                0.5803 1.7234
                                                  0.0010
                                                  0.0000
                                                                 undef undef
                        Hepatisch 0.0000
                                                                undef undef
                                                  0.0000
15
                              Herz 0.0000
                                                  0.0000
                                                                 undef undef
                             Hoden 0.0000
                                                  0.0000
                                                                undef undef undef 0.0000
                            Lunge 0.0049
                                                  0.0000
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                  0.0000
                                                                 undef undef
                  Muskel-Skelett 0.0000
Niere 0.0000
                                                                undef undef
undef undef
undef 0.0000
                                                  0.0000
20
                                                  0.0000
                         Pankreas 0.0017
                                                  0.0000
                         Prostata 0.0075
                                                  0.0039
                                                                1.9294 0.5183
                        T_Lymphom 0.0000
                                                  0.0075
                                                                0.0000 undef
                           Uterus 0.0015
                                                                undef 0.0000
undef undef
                                                  0.0000
25
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                                                  0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                             Penis 0.0027
                       Samenblase 0.0070
                     Sinnesorgane 0.0000
30
                                    FOETUS
                                    %Haeufigkeit
                      Entwicklung 0.0000
35
               Gastrointenstinal 0.0028
                           Gehirn 0.0063
                 Haematopoetisch 0.0000
                             Haut 0.0000
                        Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
                             Lunge 0.0000
                       Nebenniere 0.0000
                            Niere 0.0062
                          Placenta 0.0000
45
                         Prostata 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
                                    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                    %Haeufigkeit
                             Brust 0.0000
                          Brust_t 0.0000
                       Dickdarm_t 0.0000
                      Eierstock_n 0.0000
Eierstock_t 0.0000
55
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                           Foetal 0.0000
                 Gastrointestinal 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0000
60
                      Haut-Muskel 0.0000
                          Hoden_n 0.0000
Hoden_t 0.0000
                           Lunge n 0.0000
                           Lunge_t 0.0000
65
                           Nerven 0.0010
                           Niere t 0.0000
                      Ovar Uterus 0.0000
                       Prostata_n 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
70
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

PCT/DE99/00721

		NODMAT	munop.	Verbooltniese
•		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR *Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B Lymphom		0.0000	undef 0.0000
,		0.0078	0.0000	undef 0.0000
		0.0026	0.0028	0.9393 1.0646
	Dickdarm		0.0000	undef undef
	Duenndarm		0.0000	undef undef
10	Eierstock		0.0000 0.0000	undef undef undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe Gehirn		0.0110	0.3693 2.7082
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
15		0.0020	0.0137	0.1477 6.7715
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	_	0.0010	0.0018	0.5262 1.9004
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett		0.0074	0.0000 undef undef undef
20	Niere Pankreas	0.0000	0.0000 0.0166	0.0000 undef
	Prostata		0.0078	0.3618 2.7643
	T Lymphom		0.0000	undef 0.0000
	Uterus		0.0046	0.3213 3.1125
25	Weisse Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000		
		0.0000		
	Samenblase			
20	Sinnesorgane	0.0000		
30				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
		0.0063		
	Haematopoetisch	0.0157		•
	Hepatisch			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
.0		0.0000		
	Nebenniere			
		0.0000		
4.5	Placenta		•	,
45	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
50		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0068		
	Brust_t			
	Dickdarm_t Eierstock n			
55	Eierstock_t			
55	Endokrines Gewebe	0.0000	•	
		0.0000		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch	0.0000		
60	Haut-Muskel			
		0.0000		
	Lunge T	0.0000		
	Tunge t	0.0000		
65		0.0060		
~~	Niere t	0.0000		
•	Ovar Uterus	0.0113		
	Prostata r	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
70	Weisse_Blutkoerpercher	1 0.0000		
	•			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0023	0.0000 undef
		0.0018	0.0014	1.2524 0.7985
	Dickdarm Duenndarm		0.0000 0.0000	undef 0.0000 undef undef
10	Eierstock		0.0072	0.4148 2.4110
	Endokrines_Gewebe		0.0095	0.0000 undef
	Gehirn		0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0010	0.0000	undef 0.0000
		0.0000 0.0000	0.0118 0.0000	0.0000 undef undef undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	under under undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0009	0.0039	0.2412 4.1465
	T_Lymphom		0.0000.	undef 0.0000
0.5	Uterus		0.0000	undef 0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen		0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0053		
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	,			
		FOETUS		
	Bankari alalama	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung Gastrointenstinal			
33		0.0000		
	Haematopoetisch			
	_	0.0000		
	Hepatisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
		0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Placenta			
45	Prostata			
	Sinnesorgane			
		MODMIEDME /CIII	DODAUTEDOS DI	OT TORUEVEN
50		%Haeufigkeit	BTRAHIERTE BI	PPIOLUEVEN
JU	Brust	0.0000		
	Brust t			
	Dickdarm_t			
	Eierstock_n		-	
55	Eierstock_t			-
	Endokrines_Gewebe			
	Gastrointestinal	0.0017		•
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
	Hoden_n			
	Hoden_t	0.0000	•	
	Lunge_n			
	Lunge_t			
65		0.0060		
	Niere_t Ovar Uterus			
	Prostata n			
	Sinnesorgane			•
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		•

PCT/DE99/00721

```
NORMAL
                                                TUMOR
                                                              Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                     T/N
                                                              undef 0.0000
                       B Lymphom 0.0100
                                                0.0000
5
                                                0.0117
                                                              0.0000 undef
                            Blase 0.0000
                            Brust 0.0088
                                                0.0098
                                                              0.8946 1.1179
                        Dickdarm 0.0019
                                                0.0028
                                                              0.6728 1.4864
                                                              undef 0.0000
                       Duenndarm 0.0027
                                                0.0000
                                                               2.4886 0.4018
                       Eierstock 0.0119
                                                0.0048
10
                                                               3.3917 0.2948
               Endokrines_Gewebe 0.0064
                                                0.0019
                                                               3.4255 0.2919
                          Gehirn 0.0205
                                                0.0060
                                                0.0000
                                                              undef undef
                             Haut 0.0000
                                                 0.0063
                                                               0.7324 1.3653
                       Hepatisch 0.0046
                                                              undef 0.0000
undef 0.0000
                            Herz 0.0030
15
                                                 0.0000
                            Hoden 0.0040
                                                 0.0000
                           Lunge 0.0049
                                                              1.3155 0.7602
                                                 0.0037
             Magen-Speiseroehre 0.0072
                                                 0.0192
                                                               0.3778 2.6472
                  Muskel-Skelett 0.0103
                                                 0.0037
                                                               2.7833 0.3593
20
                            Niere 0.0022
                                                 0.0096
                                                               0.2321 4.3085
                                                              undef undef
0.5065 1.9745
                        Pankreas 0.0000
                                                 0.0000
                        Prostata 0.0066
                                                 0.0130
                       T_Lymphom 0.0000
                                                 0.0075
                                                               0.0000 undef
                                                               0.3368 2.9694
                           Uterus 0.0046
                                                 0.0138
25
         Weisse Blutkoerperchen 0.0027
                                                 0.0000
                                                              undef 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0040
                            Penis 0.0080
                      Samenblase 0.0070
                    Sinnesorgane 0.0235
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
               Entwicklung 0.0139 Gastrointenstinal 0.0083
35
                           Gehirn 0.0626
                 Haematopoetisch 0.0118
                             Haut 0.0000
                        Hepatisch 0.0000
               Herz-Blutgefaesse 0.0107
40
                            Lunge 0.0108
                       Nebenniere 0.0254
                            Niere 0.0124
                         Placenta 0.0061
45
                         Prostata 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                   %Haeufigkeit
                            Brust 0.0544
                          Brust_t 0.0000
                      Dickdarm t 0.0000
Eierstock n 0.0000
55
                      Eierstock t 0.0051
               Endokrines_Gewebe 0.0979
                           Foetal 0.0058
                Gastrointestinal 0.0122
                  Haematopoetisch 0.0000
60
                      Haut-Muskel 0.0194
                          Hoden_n 0.0167
                          Hoden t 0.0000
                          Lunge_n 0.0000
                          Lunge_t 0.0000
 65
                           Nerven 0.0201
                          Niere t 0.0000
                      Ovar_Uterus 0.0090
                       Prostata n 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
 70
          Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

TUMOR

Verhaeltnisse

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 156

NORMAL

```
%Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                   T/N
                                                              undef 0.0000
                                                0.0000
5
                       B Lymphom 0.0025
                           Blase 0.0039
                                                0.0141
                                                              0.2766 3.6156
                                                              0.4473 2.2357
                                                0.0098
                           Brust 0.0044
                        Dickdarm 0.0019
                                                0.0057
                                                              0.3364 2.9727
                                                0.0107
                                                              1.0306 0.9703
                       Duenndarm 0.0110
10
                       Eierstock 0.0030
                                                0.0119
                                                              0.2489 4.0182
              Endokrines_Gewebe 0.0032
                                                              0.3621 2.7613
                                                0.0089
                                                              0.4352 2.2978
                          Gehirn 0.0017
                                                0.0040
                       Haut 0.0037
Hepatisch 0.0000
                                                              0.0466 21.4787
                                                0.0789
                                                              0.0000 undef
                                                0.0063
15
                            Herz 0.0152
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                                                              0.5089 1.9650
                           Hoden 0.0120
                                                0.0237
                           Lunge 0.0039
                                                0.0037
                                                              1.0524 0.9502
                                                0.0000
                                                              undef undef
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                              undef 0.0000
undef 0.0000
0.2992 3.3427
                 Muskel-Skelett 0.0086
                                                0.0000
                           Niere 0.0090
                                                0.0000
20
                        Pankreas 0.0017
                                                0.0055
                        Prostata 0.0038
                                                0.0117
                                                              0.3216 3.1098
                                                              0.4508 2.2182
                       T_Lymphom 0.0101
                                                0.0224
                          Uterus 0.0030
                                                0.0092
                                                              0.3213 3.1125
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0123
                                                0.0607
                                                              0.2029 4.9287
25
                Haematopoetisch 0.0040
                           Penis 0.0054
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0028
35
                          Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0079
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0142
                           Lunge 0.0072
                      Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0000
                         Placenta 0.0061
45
                         Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0126
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                   %Haeufigkeit
                            Brust 0.0000
                          Brust_t 0.0000
                      Dickdarm_t 0.0000
                     Eierstock_n 0.0000
Eierstock_t 0.0000
55
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                           Foetal 0.0070
                Gastrointestinal 0.0122
                 Haematopoetisch 0.0000
                      Haut-Muskel 0.0065
                          Hoden_n 0.0042
                          Hoden_t 0.0000
                          Lunge_n 0.0098
                          Lunge_t 0.0000
                           Nerven 0.0060
 65
                          Niere t 0.0000
                      Ovar Uterus 0.0023
                       Prostata_n 0.0121
                     Sinnesorgane 0.0000
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
 70
```

```
NORMAL
                                                 TUMOR
                                                               Verhaeltnisse
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
5
                                                               undef 0.0000
                       B Lymphom 0.0025
                                                 0.0000
                            Blase 0.0000
                                                 0.0235
                                                               0.0000 undef
                            Brust 0.0035
                                                 0.0070
                                                               0.5010 1.9961
                                                               undef 0.0000
undef undef
                        Dickdarm 0.0134
                                                 0.0000
                        Duenndarm 0.0000
                                                 0.0000
10
                       Eierstock 0.0030
                                                               0.6222 1.6073
                                                 0.0048
               Endokrines_Gewebe 0.0032
                                                               undef 0.0000
                                                 0.0000
                           Gehirn 0.0006
                                                 0.0040
                                                               0.1451 6.8935
                                                               undef 0.0000
undef undef
                             Haut 0.0037
                                                 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
                                                 0.0000
15
                            Herz 0.0010
                                                 0.0275
                                                               0.0369 27.0862
                                                 0.0000
                                                               undef undef undef 0.0000
                            Hoden 0.0000
                            Lunge 0.0010
                                                 0.0000
             Magen-Speiseroehre 0.0072
                                                 0.0064
                                                               1.1335 0.8822
                  Muskel-Skelett 0.0017
                                                 0.0000
                                                               undef 0.0000
                                                               0.4642 2.1540
20
                            Niere 0.0022
                                                 0.0048
                         Pankreas 0.0000
                                                 0.0055
                                                               0.0000 undef
                        Prostata 0.0123
                                                 0.0456
                                                               0.2687 3.7211
                       T_Lymphom 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                           Uterus 0.0015
                                                 0.0046
                                                               0.3213 3.1125
25
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                                                               undef undef
                                                 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0013
                            Penis 0.0000
                      Samenblase 0.0070
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
               Gastrointenstinal 0.0028
35
                           Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                             Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
                            Lunge 0.0072
                      Nebenniere 0.0000
                            Niere 0.0124
                         Placenta 0.0000
45
                         Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                   %Haeufigkeit
                            Brust 0.0000
                          Brust_t 0.0000
                      Dickdarm t 0.0000
               Eierstock n 0.0000
Eierstock t 0.0051
Endokrines Gewebe 0.0000
55
                           Foetal 0.0000
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
60
                     Haut-Muskel 0.0032
                          Hoden_n 0.0042
                          Hoden_t 0.0000
Lunge_n 0.0098
                          Lunge t 0.0000
65
                           Nerven 0.0040
                          Niere t 0.0000
                      Ovar_Uterus 0.0045
                       Prostata_n 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
70
          Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

TUMOR

Verhaeltnisse

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 158

NORMAL

```
%Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                                                            undef undef
                      B_Lymphom 0.0000
                                               0.0000
5
                          Blase 0.0039
                                                            0.8297 1.2052
                                               0.0047
                                                            0.7045 1.4195
                          Brust 0.0079
                                               0.0112
                       Dickdarm 0.0287
                                                            2.0184 0.4955
                                               0.0142
                                                            undef 0.0000
                                               0.0000
                      Duenndarm 0.0192
                      Eierstock 0.0059
                                               0.0167
                                                            0.3555 2.8128
10
                                                            0.3621 2.7613
                                               0.0177
              Endokrines Gewebe 0.0064
                         Gehirn 0.0087
                                               0.0140
                                                            0.6217 1.6085
                                                            undef undef
2.1973 0.4551
                            Haut 0.0000
                                               0.0000
                      Hepatisch 0.0139
                                               0.0063
                            Herz 0.0020
                                                            0.0492 20.3146
                                               0.0412
15
                                                            undef 0.0000
                           Hoden 0.0040
                                               0.0000
                           Lunge 0.0039
                                               0.0129
                                                            0.3007 3.3256
                                                            undef 0.0000
                                               0.0000
             Magen-Speiseroehre 0.0217
                 Muskel-Skelett 0.0120
                                                             3.2472 0.3080
                                               0.0037
                                                            0.9285 1.0770
                                               0.0048
                           Niere 0.0045
20
                                                            0.2244 4.4570
                        Pankreas 0.0050
                                               0.0221
                        Prostata 0.0254
                                                             0.5426 1.8428
                                               0.0469
                       T_Lymphom 0.0051
                                                             0.6762 1.4788
                                               0.0075
                          Uterus 0.0030
                                               0.0092
                                                             0.3213 3.1125
                                                            undef 0.0000
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0027
                                               0.0000
25
                Haematopoetisch 0.0040
                           Penis 0.0054
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0278
              Gastrointenstinal 0.0056
35
                          Gehirn 0.0125
                 Haematopoetisch 0.0039
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
               Herz-Blutgefaesse 0.0036
40
                           Lunge 0.0000
                      Nebenniere 0.0507
                           Niere 0.0000
                        Placenta 0.0000
45
                        Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0136
                         Brust_t 0.0000
                      Dickdarm t 0.0000
                     Eierstock_n 0.0000
                     Eierstock_t 0.0253
 55
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                          Foetal 0.0075
                Gastrointestinal 0.0244
                 Haematopoetisch 0.0000
 60
                     Haut-Muskel 0.0097
                          Hoden_n 0.0000
                          Hoden t 0.0000
                          Lunge n 0.0098
                          Lunge t 0.0000
 65
                          Nerven 0.0141
                          Niere t 0.0000
                      Ovar Uterus 0.0158
                       Prostata_n 0.0243
                     Sinnesorgane 0.0000
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
 70
```

PCT/DE99/00721

```
NORMAL
                                                 TUMOR
                                                              Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                     T/N
 5
                       B Lymphom 0.0075
                                                              undef 0.0000
                                                 0.0000
                            Blase 0.0000
                                                0.0141
                                                              0.0000 undef
                            Brust 0.0026
                                                0.0028
                                                              0.9393 1.0646
                        Dickdarm 0.0077
                                                0.0057
                                                              1.3456 0.7432
                       Duenndarm 0.0027
                                                              0.2577 3.8812
                                                0.0107
10
                       Eierstock 0.0030
                                                0.0095
                                                              0.3111 3.2146
               Endokrines_Gewebe 0.0064
                                                0.0018
                                                              3.6214 0.2761
                          Gehirn 0.0000
                                                0.0060
                                                              0.0000 undef
                            Haut 0.0073
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
Herz 0.0020
                                                0.0190
                                                              0.0000 undef
15
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                           Hoden 0.0000
                                                              0.0000 undef
                                                0.0059
                           Lunge 0.0010
                                                0.0037
                                                              0.2631 3.8007
             Magen-Speiseroehre 0.0072
                                                0.0064
                                                              1.1335 0.8822
                  Muskel-Skelett 0.0000
                                                              undef undef
1.3927 0.7180
                                                0.0000
20
                           Niere 0.0067
                                                0.0048
                        Pankreas 0.0050
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                        Prostata 0.0123
                                                0.0260
                                                              0.4703 2.1264
                       T_Lymphom 0.0101
                                                0.0149
                                                              0.6762 1.4788
                          Uterus 0.0044
                                                0.0092
                                                              0.4819 2.0750
25
         Weisse Blutkoerperchen 0.0027
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0120
                           Penis 0.0000
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
               Entwicklung 0.0139
Gastrointenstinal 0.0194
35
                          Gehirn 0.0063
                 Haematopoetisch 0.0000
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0260
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0071
                           Lunge 0.0108
                      Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0000
                        Placenta 0.0121
45
                        Prostata 0.0499
                    Sinnesorgane 0.0000
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0000
                      Brust_t 0.0000
Dickdarm_t 0.0000
                     Eierstock n 0.0000
55
                     Eierstock_t 0.0608
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                          Foetal 0.0075
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
60
                     Haut-Muskel 0.0000
                         Hoden_n 0.0000
                         Hoden_t 0.0000
                         Lunge n 0.0000
                         Lunge t 0.0000
65
                          Nerven 0.0030
                         Niere_t 0.0000
                     Ovar Uterus 0.0293
                      Prostata n 0.0061
                    Sinnesorgane 0.0387
70
         Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

```
TUMOR
                                                             Verhaeltnisse
                                 NORMAL
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                   T/N
                                                             undef 0.0000
                                               0.0000
5
                      B Lymphom 0.0125
                           Blase 0.0000
                                               0.0023
                                                             0.0000 undef
                           Brust 0.0044
                                                             0.7828 1.2775
                                               0.0056
                       Dickdarm 0.0019
                                               0.0028
                                                             0.6728 1.4864
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                      Duenndarm 0.0055
                                                             1.2443 0.8036
10
                      Eierstock 0.0059
                                               0.0048
              Endokrines_Gewebe 0.0048
                                                             0.6790 1.4727
                                               0.0071
                                               0.0050
                                                             0.3482 2.8723
                         Gehirn 0.0017
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                            Haut 0.0037
                                                             undef 0.0000
                                               0.0000
                      Hepatisch 0.0093
15
                           Herz 0.0071
                                               0.0275
                                                             0.2584 3.8695
                                                             0.6786 1.4737
                           Hoden 0.0040
                                               0.0059
                                                             1.3155 0.7601
                           Lunge 0.0097
                                               0.0074
                                                             1.1335 0.8822
             Magen-Speiseroehre 0.0072
                                               0.0064
                                                             1.8555 0.5389
                                               0.0037
                 Muskel-Skelett 0.0069
                           Niere 0.0045
                                               0.0048
                                                             0.9285 1.0770
20
                                                             undef undef
                        Pankreas 0.0000
                                               0.0000
                                                             0.0904 11.0571
                        Prostata 0.0009
                                               0.0104
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                       T_Lymphom 0.0025
                                                             0.6426 1.5563
                          Uterus 0.0059
                                               0.0092
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
25
                Haematopoetisch 0.0040
                           Penis 0.0000
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0083
35
                          Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0118
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
40
              Herz-Blutgefaesse 0.0178
                           Lunge 0.0181
                      Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0247
                        Placenta 0.0061
45
                        Prostata 0.0249
                    Sinnesorgane 0.0000
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0136
                         Brust t 0.0000
                      Dickdarm_t 0.0000
                     Eierstock_n 0.0000
Eierstock_t 0.0000
55
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                          Foetal 0.0110
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                     Haut-Muskel 0.0194
 60
                          Hoden n 0.0000
                          Hoden_t 0.0000
                          Lunge n 0.0293
                          Lunge_t 0.0000
 65
                           Nerven 0.0020
                          Niere t 0.0000
                      Ovar Uterus 0.0023
                       Prostata_n 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
 70
```

```
NORMAL
                                                 TUMOR
                                                               Verhaeltnisse
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                      T/N
                                                               undef undef
5
                       B Lymphom 0.0000
                                                 0.0000
                                                               0.0000 undef
                            Blase 0.0000
                                                 0.0070
                            Brust 0.0000
                                                 0.0014
                                                               0.0000 undef
                                                               undef undef
undef undef
                        Dickdarm 0.0000
                                                 0.0000
                       Duenndarm 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
10
                       Eierstock 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                                                 0.0000
                           Gehirn 0.0006
                                                 0.0030
                                                               0.1934 5.1701
                                                               undef 0.0000
                             Haut 0.0037
                                                 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
                                                 0.0063
                                                               0.0000 undef
                                                               undef undef undef 0.0000
15
                            Herz 0.0000
                                                 0.0000
                            Hoden 0.0040
                                                 0.0000
                            Lunge 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                                                               undef 0.0000
undef undef
undef undef
             Magen-Speiseroehre 0.0072
                                                 0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0000
                                                 0.0000
20
                            Niere 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                         Pankreas 0.0000
                                                 0.0000
                                                               0.3216 3.1098
                         Prostata 0.0038
                                                 0.0117
                                                               undef 0.0000
                        T_Lymphom 0.0025
                                                 0.0000
                           Uterus 0.0015
                                                 0.0092
                                                               0.1606 6.2251
25
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                 Haematopoetisch 0.0000
                            Penis 0.0000
                       Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
35
               Gastrointenstinal 0.0028
                          Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0039
                             Haut 0.0000
               Hepatisch 0.0000
Herz-Blutgefaesse 0.0000
40
                            Lunge 0.0000
                       Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0000
                         Placenta 0.0000
45
                         Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                   %Haeufigkeit
                           Brust 0.0000
                          Brust_t 0.0000
                     Dickdarm_t 0.0000
Eierstock_n 0.0000
55
                     Eierstock t 0.0000
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                           Foetal 0.0012
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
60
                      Haut-Muskel 0.0000
                          Hoden n 0.0000
                          Hoden t 0.0000
                          Lunge_n 0.0098
                          Lunge_t 0.0000
65
                           Nerven 0.0000
                          Niere t 0.0000
                      Ovar_Uterus 0.0000
                       Prostata n 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
70
          Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

TUMOR

Verhaeltnisse

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 162

NORMAL

WO 99/46374

		9Hacufiakoit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	B Lymphom		0.0000	undef 0.000
,		0.0039	0.0070	0.5532 1.807
		0.0053	0.0028	1.8786 0.532
	Dickdarm		0.0057	0.6728 1.486
	Duenndarm		0.0000	undef 0.000
10	Eierstock		0.0048	0.6222 1.607
	Endokrines Gewebe		0.0018	0.9054 1.104
	Gehirn		0.0030	7.1565 0.139
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000 undef
15	Herz	0.0030	0.0000	undef 0.000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef 0.000
	Lunge	0.0019	0.0092	0.2105 4.750
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0074	0.9278 1.077
20	Niere	0.0022	0.0000	undef 0.000
	Pankreas		0.0055	0.2992 3.342
	Prostata	0.0066	0.0143	0.4604 2.171
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus		0.0046	0.3213 3.112
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0068	0.0000	undef 0.000
	Haematopoetisch			
		0.0054		
	Samenblase	0.0141		
	Sinnesorgane	0.0000		
30				
		FOETUS		
•		%Haeufigkeit		
25	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
		0.0000		
40	Hepatisch Herz-Blutgefaesse			
40		0.0036		
	Nebenniere			
		0.0000		
	Placenta			
45	Prostata			
	Sinnesorgane			
	•			
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
50	* · · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	%Haeufigkeit	•	
	Brust	0.0340		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n		-	
55	Eierstock_t	0.0051		•
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
		0.0035		•
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
60	Haut-Muskel			
	Hoden_n			
	Hoden_t			
	Lunge_n			
	Lunge_t			
65		0.0201		
	Niere_t			
	Ovar_Uterus			
	Prostata_n			•
	Sinnesorgane	0.0000		
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

TUMOR

Verhaeltnisse

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 163

NORMAL

```
%Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                    T/N
5
                       B Lymphom 0.0050
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                           Blase 0.0078
                                                0.0117
                                                              0.6638 1.5065
                           Brust 0.0070
                                                0.0028
                                                              2.5048 0.3992
                        Dickdarm 0.0038
                                                0.0028
                                                              1.3456 0.7432
                       Duenndarm 0.0055
                                                0.0000
                                                             undef 0.0000
10
                       Eierstock 0.0030
                                                0.0024
                                                              1.2443 0.8036
              Endokrines_Gewebe 0.0096
                                                0.0106
                                                              0.9054 1.1045
                          Gehirn 0.0046
                                                              0.3571 2.8005
                                                0.0130
                                                             undef undef
undef 0.0000
undef 0.0000
                            Haut 0.0000
                                                0.0000
                       Hepatisch 0.0046
                                                0.0000
                            Herz 0.0061
15
                                                0.0000
                           Hoden 0.0040
                                                0.0059
                                                              0.6786 1.4737
                                                0.0018
                                                              3.6835 0.2715
                           Lunge 0.0068
             Magen-Speiseroehre 0.0145
                                                0.0064
                                                              2.2671 0.4411
                 Muskel-Skelett 0.0000
                                                0.0000
                                                              undef undef
20
                                                              0.2321 4.3081
                           Niere 0.0022
                                                0.0096
                        Pankreas 0.0050
                                                0.0110
                                                              0.4487 2.2285
                        Prostata 0.0028
                                                0.0065
                                                              0.4341 2.3036
                       T_Lymphom 0.0025
                                                              0.1691 5.9152
                                                0.0149
                          Uterus 0.0030
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
25
                                                              undef 0.0000
         Weisse Blutkoerperchen 0.0027
                                                0.0000
                Haematopoetisch 0.0040
                           Penis 0.0027
                      Samenblase 0.0070
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
35
              Gastrointenstinal 0.0111
                          Gehirn 0.0063
                 Haematopoetisch 0.0000
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
40
              Herz-Blutgefaesse 0.0107
                           Lunge 0.0036
                      Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0000
                        Placenta 0.0121
45
                        Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0136
                      Brust_t 0.0000
Dickdarm_t 0.0000
                     Eierstock n 0.0000
55
                     Eierstock_t 0.0203
              Endokrines_Gewebe 0.0000
                          Foetal 0.0139
                Gastrointestinal 0.0122
                 Haematopoetisch 0.0257
60
                     Haut-Muskel 0.0130
                         Hoden n 0.0125
                         Hoden_t 0.0000
                         Lunge n 0.0098
Lunge t 0.0000
65
                          Nerven 0.0100
                         Niere_t 0.0000
                     Ovar Uterus 0.0180
                      Prostata_n 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
70
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                                TUMOR
                                                              Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                             undef undef
5
                       B Lymphom 0.0000
                                                0.0000
                           Blase 0.0078
                                                0.0023
                                                              3.3190 0.3013
                                                              0.4175 2.3954
                           Brust 0.0053
                                                0.0126
                        Dickdarm 0.0057
                                                0.0057
                                                              1.0092 0.9909
                                                             undef 0.0000
0.9955 1.0046
                       Duenndarm 0.0110
                                                0.0000
10
                       Eierstock 0.0119
                                                0.0119
                                                             0.9054 1.1045
              Endokrines Gewebe 0.0032
                                                0.0035
                          Gehirn 0.0174
                                                0.0040
                                                              4.3519 0.2298
                                                             undef undef
1.4649 0.6826
                            Haut 0.0000
                                                0.0000
                       Hepatisch 0.0093
                                                0.0063
15
                            Herz 0.0112
                                                0.0000
                                                             undef 0.0000
                                                              2.0357 0.4912
                           Hoden 0.0120
                                                0.0059
                           Lunge 0.0068
                                                0.0148
                                                              0.4604 2.1719
                                                             undef undef
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                0.0000
                                                              1.8555 0.5389
                 Muskel-Skelett 0.0069
                                                0.0037
                                                             0.4642 2.1540
undef 0.0000
20
                           Niere 0.0022
                                                0.0048
                        Pankreas 0.0066
                                                0.0000
                        Prostata 0.0019
                                                0.0052
                                                              0.3618 2.7643
                       T_Lymphom 0.0126
                                                0.0373
                                                             0.3381 2.9576
                          Uterus 0.0030
                                                0.0092
                                                              0.3213 3.1125
                                                             undef 0.0000
25
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0027
                                                0.0000
                Haematopoetisch 0.0053
                           Penis 0.0000
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
35
              Gastrointenstinal 0.0083
                          Gehirn 0.0125
                Haematopoetisch 0.0000
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0260
40
              Herz-Blutgefaesse 0.0036
                           Lunge 0.0181
                      Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0062
                        Placenta 0.0061
45
                        Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0126
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0000
                         Brust_t 0.0000
                      Dickdarm t 0.0000
                     Eierstock_n 0.1595
55
                     Eierstock t 0.0000
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                          Foetal 0.0035
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                     Haut-Muskel 0.0065
60
                         Hoden_n 0.0042
                         Hoden_t 0.0000
                         Lunge_n 0.0293
                         Lunge t 0.0000
65
                          Nerven 0.0090
                         Niere_t 0.0000
                     Ovar_Uterus 0.0023
                      Prostata n 0.0182
                    Sinnesorgane 0.0000
70
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt. Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

10

15

20

25

30

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

- Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
- 2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
- 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen
- Die Konsens-Sequenz *C* wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz *S*. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für *S* abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, *C* in gleicher Weise wie *S* zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen *C_i* (*i*: Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H₀ Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while *C_i* > *C_{i-1}*; Abbruchkriterium II).
- Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Prostatatumor-Gewebe gefunden werden.

5

10

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

15 Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, 20 Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzellinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzellinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels 25 genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_ form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" -Programms der 30 Genome Database (GDB), (http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de) bestimmt. Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Cromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap 35 between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sonder ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html) einschließt. Analog zu der 40 Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl).

Beispiel 5

Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)

Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone (http://www.tree.caltech.edu/; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.

Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

า	•	١
L	۱	,
_	-	

Seq. ID Nr.		Identifizi	erte BACs		
3	523-P-21				
20	446-E-12				
33	544-K-9	552-M-9	391-B15	228-G-2	
36	420-I-3	395-G-4	489-A14		
44	194-A-22	438-F-10	491-A-16	1	
50	423-P-13	327-G-1	221-M-24	197-M-19	
51	244-C-10	421-G-19			
53	342-M-13	347-N-18			
142	353-J-9	383-F-17	404-H-16	416-N-2	501-A-5

Tabelle 1

a in Prostatatumoren Humanes H erhöht bovinen and erhöht erhöht erhöht erhöht erhöht einem GTP erhöht aktivierende Yarrowia ly 7 in Prostatatumoren MLN 62 Brusttumoren erhöht 10 in Prostatatumoren BCE-1 erhöht 12 in Prostatatumoren GATA-3 arhöht		Humanes Homolog zu der bovinen anorganischen Povronhosnhatase		Lokalisation		Ausgangs-Eo	Se	6.560
3 in Prostatatur erhöht 6 in Prostatatur erhöht 7 in Prostatatur erhöht 10 in Prostatatu erhöht 112 in Prostatatu erhöht 12 in Prostatatu erhöht 13 in Prostatatu erhöht		ē					Sequenz in Basen	sedneuz
4 in Prostataturehöht 6 in Prostataturehöht 7 in Prostata- tan Brusttumorerehöht 10 in Prostatatuehöht 12 in Prostatatuehöht 13 in Prostatatuehöht		Ovronhosphatase	Pyrophosphatas e	10q21.1-q22.1	SHGC-36251- D10S1428	246	1258	
erhöht 6 in Prostatatur erhöht 7 in Prostata- t Brusttumorer erhöht 10 in Prostatatu erhöht erhöht erhöht 13 in Prostatatu		Unbekannt		2q35	SHGC-32022- D2S126	257	894	
erhöht 7 in Prostata- u Brusttumorer erhöht 10 in Prostatatu erhöht 12 in Prostatatu erhöht 13 in Prostatatu		Humanes Homolog zu	TBC			225	1017	•
7 in Prostata- L Brustumorer erhöht 10 in Prostatatu erhöht 12 in Prostatatu erhöht 13 in Prostatatu		aktivierenden Protein aus Yarrowia Ivoolytica						
erhöht 10 in Prostatatu erhöht 12 in Prostatatu erhöht 13 in Prostatatu		MLN 62	MATH; TRAF	17p12-q11.2	D17S798	192		
erhöht 12 in Prostatatu erhöht 13 in Prostatatu	ımoren	Unbekannt		1p36.13-p36.12	D1S3153- D1S2740	225	870	
13 in Prostatatu		BCE-1		2q35	SHGC-32022- D2S126	215		
		GATA-3		10p15.1	D10S1431- SHGC-32335	230		8
15 in Prostatatumoren	umoren	Unbekannt		19p13.3-p13.2	D19S854- SHGC-36605	193		ω.
17 in nicht normierten oder subtrahierten	nierten hierten	Unbekannt		2q33.1-q33.3	SHGC-36529- D2S374	246	5 450	0.
Bibliotheken nur im Prostata- u. Gehirntumoren	n nur im ren							
18 in Prostatatumoren	umoren	Unbekannt		Xq25-28	DXS1062- DXS9754	233	3 418	8

Sec		Funktion	Module	g	Nächster Marker Länge des	Länge des	Länge der	Seq ID der
} <u>□</u>	<u>Q</u>			Lokalisation		Ausgangs-Eo i in Basen	Sequenz in Basen	zedneuz
19	nur in Prostata- und	nur in Prostata- und Homolog zu der Inositol Polyphosphat-4-	lyphosphat-4-	20q13.2	D20S197- SHGC-33731	282		
20	noren	Unbekannt				249	666	
21	tatatumoren	Unbekannt		4q31.22-31.23	D4S397- D4S2965	301		
22	tatatumoren	Unbekannt		16p11.2	SHGC-2727- SHGC-35326	231		
23	23 nur in Prostatatumoren	Unbekannt		9q21.31-21.32	SHGC-35114- D9S1122	224	359	
24	nachweisbar 24 in Prostatatumoren	Unbekannt		2p11.1 - 2p12	D2S388- D2S2579	242		
26	26 nur in Prostatatumoren	Unbekannt		2q11.2	D2S2311- D2S2886	229	316	
2.	nachweisbar 27 in Prostatatumor und Hyperplasie	Homolog zu DYNAMIN-1		15q25.1-q25.3	SHGC-30592- SHGC-35120	209	369	6
~~	erhöht 29 nur im normalen Lungengewebe, in Prostata- und in Endokrinen-	Unbekannt		6q23.1-23.3	D6S1835-	260		
8	31 in Prostatatumoren erhöht	Unbekannt		10q21.1-21.3	D10S1688- SHGC-33649	241	1	
lw.	33 in Prostatatumoren	Humanes Homolog zu NST-1 aus der Maus	HSP70			247		4
m	34 in Prostatatumoren erhöht	Unbekannt		17q11.2	SHGC-2348	386	1563	2

seq ID der Ausgangs- sequenz	1557								
_	22					8 (80	e .	9
Länge der Seq ID der beanspruchten Ausgangs-Sequenz in sequenz Basen	5	1381	615	834	66	548		-	906
EST	298	213	224	276	207	212	241	165	260
Cytogenetische Nächster Marker Länge des Lokalisation in Basen	AFMA128XH5	D18S831- D18S64	SHGC-37132- SHGC-30693		SHGC-10670- SHGC-31710	SHGC-9668- SHGC-30929	D9S1120- D9S1812	D16S521- SHGC-2951	NIB1805-WI- 9028
Cytogenetische Lokalisation	8q24.3	18q21.1 - 18q21.33	3q22.1-3q23	21q22.3	6q12-p12.1	19q13.2-q13.41	9q21.32-q22.1	16p13.3-q24.3	19q13.2-q13.41
Module				trefoil		CATION_CHAN 19q13.2-q13.41 NEL_TRPL		kinase C	
Funktion	Homolog zu NMDA	Unbekannt	Humanes Homolog zu Sec61	HUMANer INTESTINALer TREFOIL FACTOR HP1.B	Unbekannt	Homolog zu humanem Melastatin 1	Unbekannt	Homolog zu einem Protein kinase C substrate	Unbekannt
Seq Expression ID	c	-	39 ca. 4,5 x stärker in Prostatatumoren als im entsprechenden	ے د	44 in Prostata- und Hauttumoren erhöht	45 in Prostatatumoren erhöht	tatatumoren	tatatumoren	tatatumoren

					Nächeter Marker I ange des		Länge der	Seq ID der
Seq	Seq Expression	Funktion	Module	Cytogenetische		EST	beanspruchten Ausgangs-	Ausgangs- sequenz
3							Basen	
	-			2n24.3	D2S1288	259	1222	
49	atatumoren	Unbekannt						
	erhöht					277	649	
20	tatatumoren	Unbekannt						
	ernoni					272	1226	
51	atatumoren	Unbekannt						i
	erhont			12024 22	D12S1619-	249	1036	
22	tatatumoren	Unbekannt		12424.22 024.23	D12S1915			
	erhöht			24	D10S1571-	228	758	
<u>8</u>	53 in Prostatatumoren erhöht	Homologie zu der Familie der High Mobility Group	Kibosomai_L/A	_	D10S583			
		Proteine		20,00	1/1/1 2732 1//1.	317	1663	
142	142 in Prostatatumoren	Calcyclin bindendes		cz-+zb1	5780	•		
	erhöht	Protein			2000		2105	4
144	144 2 1719 x fach im	Unbekannt		2635	SHGC-32022-			
	Prostatatumor				071570			
	gegenüber	-						
	normalem							
	Prostatagewebe							
	exprimiert	1 1 1	TDC				1125	9
4	145 1.8304 x fach im	Humanes Homolog zu	<u>م</u>					
	Prostatatumor	einem Girase						
	gegenüber	aktivierenden Frotein aus						
	normalem	Yarrowia iypuiyiica						
	Prostatagewebe							
	exprimiert			1nge 13 nge 12	D1S3153-		1490	10
7	146 1.935 x fach im	Unbekannt		The condition	D1S2740			
	Prostatatumor							
	gegenüber							
	normalem							
	Prostatagewebe						·	
	exprimien							

ch im nor Mebe BCE-1 BESEN Sequenz in Besen	13	Seq Expression	Funktion	Module	Cytogenetische	Cytogenetische Nächster Marker Länge des	Länge des Ausgangs-EST	Länge der Seq ID der beanspruchten Ausgangs-	Seq ID der Ausgangs-	
BCE-1 2q35 SHGC-32022- 1692 1952 1692 1953					Lovailsanoi			Sequenz in Basen		
Unbekannt			BCE-1			SHGC-32022-		1692		7
Unbekannt 19p13.3-p13.2 D19S864- 866 1 Unbekannt 2q33.1-q33.3 SHGC-36529- 992 Unbekannt 2q33.1-q33.3 SHGC-36529- 992 Humanes Homolog zu der Tyrosin-Protein Kinase 1 aus Dictyostellum discoideum OXYLASE 16p11.2 SHGC-2727- Humanes Homolog des Zi-C2H2 16p11.2 SHGC-3727- 974						UZS126				
Unbekannt 19p13.3-p13.2 D19S854- 866 1 Unbekannt 2q33.1-q33.3 SHGC-36529- 992 Humanes Homolog zu der Tyrosiellum discoideum GAMMA_CARB 1640 Humanes Homolog des Zr-C2HZ 16p11.2 SHGC-2727- SFP-29 aus der Maus 2r-C2HZ 16p11.2 SHGC-35326 974		gegenüber					-			
Unbekannt 19p13.3-p13.2 D19S864- 866 1 Unbekannt SHGC-36629- 992 Humanes Homolog zu GAMMA_CARB Kinase 1 aus Dictyostellum discoideum GAMMA_CARB Kinase 1 aus Dictyostellum discoideum 16p11.2 SHGC-2727- 974 TFP-29 aus der Maus ZFP-29 aus der Maus 2433.1-433.3 SHGC-2727- 974		normalem			,					
Unbekannt 19p13.3-p13.2 D19S854- 866 1 Unbekannt 2q33.1-q33.3 SHGC-36529- 992 Humanes Homolog zu der Tyrosin-Protein Kinase 1 aus: GAMMAA_CARB 1640 In Humanes Homolog des Tr-C2H2 16p11.2 SHGC-2727- SHGC-35326 974 ZFP-29 aus der Maus 2FP-29 aus der Maus 974		Prostatagewebe								
Unbekannt 1 Pr. 13.7 Pr. 13.3 SHGC-36605 Unbekannt 2q33.1-q33.3 SHGC-36529- 992 Humanes Homolog zu der Tyrosin-Protein Kinase 1 aus GAMMAA_CARB 1640 Dictyostellum discoideum SHGC-2727- 974 TFP-29 aus der Maus Zf-C2H2 16p11.2 SHGC-35326 974		\neg			ł	D19S854-		998		3
Unbekannt 2q33.1-q33.3 SHGC.36529- 992 Humanes Homolog zu GAMMA_CARB Kinase 1 aus GAMMA_CARB 1640 Dictyostellum discoideum 0XYLASE 16p11.2 Humanes Homolog des ZF-C2H2 16p11.2 SHGC-2727- ZFP-29 aus der Maus SHGC-35326 974		·	Unbekannt			SHGC-36605				
Unbekannt		Prostatatumor)	-			
Unbekannt		gegenüber								
Unbekannt 2q33.1-q33.3 SHGC.36529- 992 Humanes Homolog zu der Tyrosin-Protein Kinase 1 aus: GAMMA_CARB 1640 Dictyostellum discoideum OXYLASE 16p11.2 SHGC-2727- Humanes Homolog des Zf-C2H2 16p11.2 SHGC-35326 974		normalem								
Unbekannt 2433.1-433.3 SHGC-36529- 992 Unbekannt D2S374 992 Humanes Homolog zu der Tyrosin-Protein Kinase 1 aus Dictyostellum discoideum GAMMA_CARB 1640 Nichostellum discoideum 0XYLASE 16p11.2 SHGC-2727- Humanes Homolog des Zf-C2H2 16p11.2 SHGC-2727- 974 ZFP-29 aus der Maus 3FGC-35326 974		Prostatagewebe			-					
Unbekannt Humanes Homolog zu GAMMA_CARB der Tyrosin-Protein Kinase 1 aus Dictyostellum discoideum Humanes Homolog des zf-C2H2 16p11.2 SHGC-2727- SHGC-35326 SHGC-35326		exprimiert			2022 4 033 3	SHGC-36529-		992		
Humanes Homolog zu GAMMA_CARB der Tyrosin-Protein OXYLASE Kinase 1 aus Dictyostellum discoideum Humanes Homolog des zf-C2H2 16p11.2 SHGC-2727- SHGC-35326 574	_	2.0732 x fach im	Unbekannt		2455. I-455.5	D2S374				
Humanes Homolog zu GAMMA_CARB der Tyrosin-Protein OXYLASE Kinase 1 aus Dictyostellum discoideum Humanes Homolog des Zf-C2H2 16p11.2 SHGC-2727- 974 ZFP-29 aus der Maus		Prostatatumor	-							
Humanes Homolog zu GAMMA_CARB der Tyrosin-Protein OXYLASE Kinase 1 aus Dictyostellum discoideum Humanes Homolog des zf-C2H2 16p11.2 SHGC-2727- SHGC-35326 SHGC-35326		gegenüber								
Humanes Homolog zu GAMMA_CARB der Tyrosin-Protein OXYLASE Kinase 1 aus Dictyostellum discoideum Humanes Homolog des zf-C2H2 16p11.2 SHGC-2727- SHGC-35326 SHGC-35326		normalem								
Humanes Homolog zu GAMMA_CARB der Tyrosin-Protein OXYLASE Kinase 1 aus Dictyostellum discoideum Humanes Homolog des zf-C2H2 16p11.2 SHGC-2727- SFP-29 aus der Maus		Prostatagewebe								
Humanes Homolog zu GAWIMA_CARE der Tyrosin-Protein OXYLASE Kinase 1 aus Dictyostellum discoideum Humanes Homolog des zf-C2H2 16p11.2 SHGC-2727- SHGC-35326 SFP-29 aus der Maus		exprimiert						1640		2
der Tyrosin-Protein Kinase 1 aus Kinase 1 aus Dictyostellum discoideum Dictyostellum discoideum Aus Humanes Homolog des zf-C2H2 16p11.2 SHGC-2727- SHGC-35326 ZFP-29 aus der Maus		1.3821 x fach im	Humanes Homolog zu	GAMMA_CARB						
Kinase 1 aus Dictyostellum discoideum Dictyostellum discoideum Humanes Homolog des zf-C2H2 16p11.2 SHGC-2727- SHGC-35326 SFP-29 aus der Maus		Prostatatumor	der Tyrosin-Protein	OXYLASE						
Dictyostellum discoideum Humanes Homolog des zf-C2H2 16p11.2 SHGC-2727- SHGC-35326 SHGC-35326		gegenüber	:							
Humanes Homolog des zf-C2H2 16p11.2 SHGC-2727- ZFP-29 aus der Maus SHGC-35326		normalem	Dictyostellum discoideum							
Humanes Homolog des zf-C2H2 16p11.2 SHGC-2727- ZFP-29 aus der Maus SHGC-35326		Prostatagewebe								
Humanes Homolog des ZI-CZHZ 16p11.2 SHGC-35326 SHGC-35326 SHGC-35326		exprimiert		9	44.0	CHCC 2727.		7.26		22
nor ZFP-29 aus der Maus webe	-	4.1464 x fach im	Humanes Homolog des	zt-C2H2	7.11dar	SHGC-21275				
gegenüber normalem Prostatagewebe		Prostatatumor	ZFP-29 aus der Maus			5				
normalem Prostatagewebe		gegenüber								
Prostatagewebe		normalem		٠						
		Prostatagewebe								

	27	33	6	;	44
Länge der Seq ID der beanspruchten Ausgangs- Sequenz in sequenz Basen	1059	2003		6//c	2408
Länge der beanspruch Sequenz in Basen					
Länge des Ausgangs-EST in Basen					
Nächster Marker Länge des Ausgangs- in Basen	SHGC-30592- SHGC-35120	D10S1688- SHGC-33649		SHGC-2348	SHGC-10670- SHGC-31710
Cytogenetische Lokalisation	15q25.1-q25.3	10q21.1-21.3		17q11.2	6q12-p12.1
Module			HSP70	phosphate 5-kinase	ESTERASE
Funktion	Homolog zu DYNAMIN-1	Unbekannt	Humanes Homolog zu NST-1 aus der Maus	Phosphatidylinositol-4-pho typ 2 beta	Lysophospholipase
Seq Expression F	152 1.9294 x fach im Prostatatumor gegenüber normalem Prostatagewebe		ach im mor swebe	exprimiert 155 1.9745 x fach im Prostatatumor gegenüber normalem Prostatagewebe	exprimiert 156 3.1098 x fach im Prostatatumor gegenüber normalem Prostatagewebe

Seq	Seq Expression	Funktion	Module	Cytogenetische	Nächster Marker Länge des	FST	Länge der Seq ID der beanspruchten Ausgangs-	Seq ID der Ausgangs-
۵				Lokalisarol			Sequenz in Basen	sednenz
157	157 3.7211 x fach im	Homolog zu humanem	CATION_CHAN 19q13.2-q13.41		SHGC-9668-		1548	45
	Prostatatumor	Melastatin 1	NEL_TRPL		SHGC-30929			
	gegenüber							
	normalem					•		
	Prostatagewebe							
458	exprimient	Unbekannt		9q21.32-q22.1	D9S1120-		2319	46
<u>-</u>	Prostatatumor				D9S1812			
	gegenüber							
	normalem	-						
	Prostatagewebe.							
	exprimient				TAN SOOF TANK		1467	48
159	159 2.1264 x fach im	Unbekannt		19q13.2-q13.41	NIB 1805-WI-			
	Prostatatumor				9706			
	gegenüber							
	normalem						<u>. </u>	
	Prostatagewebe	-			-,			
	exprimiert			27070	D264288		1348	49
160	160 11.0571 x fach im	Unbekannt		Zpz4.3	0071070			
_	Prostatatumor							
	gegenüber							
	normalem							
	Prostatagewebe	-	<u> </u>					
	exprimiert						1290	51
16	161 3.1098 x fach im	Unbekannt						
	Prostatatumor							
	gegenüber							
	normalem							
	Prostatagewebe							
لـ	exprimien							

					Maheter Marker	l anne des	Länge der	Seq ID der
Seq	Seq Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Macrister Marker Langoangs- Lokalisation	מפרואפו ואיפועכו	Ausgangs-EST	hten	Ausgangs-
2						In Basen	Basen	
				12n24 22-	D12S1619-		2912	25
162	162 2.1719 x fach im	Unbekannt		n24 23	D12S1915			
	Prostatatumor							
	gegenüber							
	normalem							
	Prostatagewebe							
	exprimiert		4.5	1	D10S1571-		820	53
163	163 2.3036 x fach im	Homologie zu der Familie			D10S583			
	Prostatatumor	der High Mobility Group	w					
	gegenüber	Proteine				-		
	normalem							
	Prostatagewebe				-			
	exprimiert			1424.25	WI-3733-WI-		2223	3 142
4	164 2.7643 x fach im.	Calcyclin bindendes		1447-60	5780			
	Prostatatumor	Protein						
	gegenüber							
	normalem							
	Prostatagewebe	-						
	exprimiert							

Tabelle 2

DNA-Sequenz Seq ID No.	Peptid-Sequer (ORF's) Seq ID	nz No.					
3	57 50						-
4	58 50	60					
6	59 64	60					
7	61 64						
10	64	67					
12	66 68	67				•	
13 45	68 70	71					
15 17	70 73	74					
17 18	75 75	74					
19	76	77					
20	78	79					
21	80	19					
22	81						
23	82						
24	· 83						
26	85						
27	86						
29	87 87						
31	89	90					
33	-	50					
34	92						
36	94						
37	95						
39	-						
40	97						
44	101	102	103	104	105		
45	106	107	108	,			
46	109	110	111				
47	112	113	114				
48	115	116	117	118	119	120	121
49	122	123	124	125			
50	126	127	128	129			
51	130	131	132				
52	133	134	135	136	137		
53	138	139	140	141			
142	143						
144	165	166					
145	167						
146	168	169					
147	170	171					
148	172	173		•			
149	174	175					
150	176	177					
151	178						
152	179	180					
153	181	182					
154	183						

DNA-Sequenz	Peptid-Seque	
Seq ID No.	(ORF's) Seq ID	<u>No.</u>
4	404	
155	184	
156	185	
157	186	187
158	188	189
159	190	191
160	192	193
161	194	195
162	- 196	197
163	198	
164	199	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6, 7, 10, 12, 13, 15, 17-24, 26, 27, 29, 31-34, 36, 37, 39, 40, 44-53; 142, 144-164 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoli

5	(1) ALLGEMEINE INFORMATION:
10	 (i) ANMELDER: (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH (B) STRASSE: Ihnestrasse 63 (C) STADT: Berlin (E) LAND: Deutschland (F) POST CODE (ZIP): D-14195 (G) TELEFON: (030)-8413 1672
15	(H) TELEFAX: (030)-8413 1671
20	(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Prostatatumorgewebe
	(iii) Anzahl der Sequenzen: 167
25	 (iv) COMPUTER READABLE FORM: (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk (B) COMPUTER: IBM PC compatible (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS (D) SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25 (EPO)
30	
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:3:
35	 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1200 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
40	(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
	(iii) HYPOTHETISCH: NEIN
45	(iii) ANTI-SENSE: NEIN
	(vi) HERKUNFT:

PCT/DE99/00721

5

30

35

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```
10
    GGGCTCTCTC CTTGTCAGTC GGCGCCGCGT GCGGGCTGGT GGCTCTGTGG CAGCGGCGGC 60
     GGCAGGACTC CGGCACTATG AGCGGCTTCA GCACCGAGGA GCGCGCCGCG CCTTCTCCCT120
     GGAGTACCGA GTCTTCCTCA AAAATGAGAA AGGACAATAT ATATCTCCAT TTCATGATAT180
     TCCAATTTAT GCAGATAAGG ATGTGTTTCA CATGGTAGTT GAAGTACCAC GCTGGTCTAA240
     TGCAAAAATG GAGATTGCTA CAAAGGACCC TTTAAACCCT ATTAAACAAG ATGTGAAAAA300
15
     AGGAAAACTT CGCTATGTTG CGAATTTGTT CCCGTATAAA GGATATATCT GGAACTATGG360
     TGCCATCCCT CAGACTTGGG AAGACCCAGG GCACAATGAT AAACATACTG GCTGTTGTGG420
     TGACAATGAC CCAATTGATG TGTGTGAAAT TGGAAGCAAG GTATGTGCAA GAGGTGAAAT480
     AATTGGCGTG AAAGTTCTAG GCATATTGGC TATGATTGAC GAAGGGGAAA CCGACTGGAA540
     AGTCATTGCC ATTAATGTGG ATGATCCTGA TGCAGCCAAT TATAATGATA TCAATGATGT600
     CAAACGGCTG AAACCTGGCT ACTTAGAAGC TACTGTGGAC TGGTTTAGAA GGTATAAGGT660
20
     TCCTGATGGA AAACCAGAAA ATGAGTTTGC GTTTAATGCA GAATTTAAAG ATAAGGACTT720
     TGCCATTGAT ATTATTAAAA GCACTCATGA CCATTGGAAA GCATTAGTGA CTAAGAAAAC780
     GAATGGAAAA GGAATCAGTT GCATGAATAC AACTTTGTCT GAGAGCCCCT TCAAGTGTGA840
     TCCTGATGCT GCCAGAGCCA TTGTGGATGC TTTACCACCA CCCTGTGAAT CTGCCTGCAC900
25
     AGTACCAACA GACGTGGATA AGTGGTTCCA TCACCAGAAA AACTAATGAG ATTTCTCTGG960
     AATACAAGCT GATATTGCTA CATCGTGTTC ATCTGGATGT ATTAGAAGTA AAAGTAGTAG1020
     CTTTTCAAAG CTTTAAATTT GTAGAACTCA TCTAACTAAA GTAAATTCTG CTGTGACTAA1080
     TCCAATATAC TCAGAATGTT ATCCATCTAA AGCATTTTTC ATATCTCAAC TAAGATAACT1140
     TTTAGCACAT GCTTAAATAT CAAAGGAGTT GCCATTTTGG AGGCACTTGT GAATAGGTGT1200
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 894 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

```
CTTCACGGAG CAGCATGCTT TCTCCTGCGC CGATGGCTCA CCCCGCTGCC CACTGCGTGG 60
5
    GGCTGACCGG GCTGATGTGG CCGATGTTCT GGGGACAGCT CTAGAGGAGC TGAACCGCCG120
    CTACCACCG GCCTTGCGGC TCCAGAAGCA GCAGCTGGTG AATGGCTACC GACGCTTTGA180
    TCCGGCCCGG GGTATGGAAT ACACGCTGGA CTTGCAGCTG GAGGCACTGA CCCCCCAGGG240
    AGGCCGCCGG CCCCTCACTC GCCGAGTGCA GCTGCTCCGG CCGCTGAGCC GCGTGGAGAT300
10
    CTTGCCTGTG CCCTATGTCA CTGAGGCCTC ACGTCTCACT GTGCTGCTGC CTCTAGCTGC360
    GGCTGAGCGT GACCTGGCCC CTGGCTTCTT GGAGGCCTTT GCCACTGCAG CACTGGAGCC420
    TGGTGATGCT GCGGCAGCCC TGACCCTGCT GCTACTGTAT GAGCCGCGCC AGGCCCAGCG480
    CGTGGCCCAT GCAGATGTCT TCGCACCTGT CAAGGCCCAT GTGGCAGAGC TGGAGCGGCG540
    TTTCCCCGGT GCCCGGGTGC CATGGCTCAG TGTGCAGACA GCCGCACCCT CACCACTACG600
15
    CCTCATGGAT CTACTCTCCA AGAAGCACCC GCTGGACACA CTGTTCCTGC TGGCCGGGCC660
    AGACACGGTG CTCACGCCTG ACTTCCTGAA CCGCTGCCGC ATGCATGCCA TCTCCGGCTG720
    GCAGGCCTTC TTTCCCATGC ATTTCCAAGC CTTCCACCCA GCTGTGGCCC CACCACAAGG780
    GCCTGGGCCC CCAGAGCTGG GCCGTGACAC TGGCCGCTTT GATCGCCAGG CAGCCAGCGA840
    GGCCTGCTTC TACAACTCCG ACAACGGCAG CCCGTGGGCG CCTGGCGGCA GCTC
20
```

85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1017 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

```
CATAGTCAGC TCGTTGATGT GCTTGAGGAT CTCATTGGAG CCGAACCCGG ACAGCATGAG 60
GGTGTCCCTC TCCATGTCCA GGATGGCGCA GGCCACCAGC AGGTGCAGAT TGGGGCCAGG120
GAGCCCTGTC CACAGCACCT CCCACAGCCG AAGGACATCC GGGAAGGGGA ATTCCCTCTT180
50 GAACCAGATG AGCAGCCACC GGAAACAGAA GCAGAGAGAG CCGGAGTCCT GGGAATCCAG240
GAAGTCGCAG AGCAGGGGGT CCAGCACCCT CCGGAGCAGC AGCAGTCGCC CGAGTTGCCG300
CTTCATGGTC TCCTGGCTCT CTTCAAAGCT CGAGCCGCTC GAGCCGAATT CGGCTCGAGA360
AACCAGCCTG CTCCTGGAGC TTCCCTGGAC TCAACTTCCT AAAGGCATGT GAGGAAGGGG420
```

25

40

	TAGATTCCAC	AATCTAATCC	GGGGGCCATC	AGAGTAGAGG	GAGTAGAGAA	TGGATGTTGG480
	GTAGGCCATC	AATAAGGTCC	ATTCTGCGCA	GTATCTCAAC	TGCCGTTCAA	CAATCGCAAG540
	AGGAAGGTGG	AGCAGGTTTC	TTCATCTTAC	AGTTGAGAAA	ACAGAGACTC	AGAAGGGCTT600
						GGCCAAAAGA660
5						ATTATGTCCT720
	ACCAACTTAT	TAGCTGCTTG	AAAAATATAA	TACACATAAA	TAAAAAAATA	TATTTTTCAG780
						ATTGGGACAG840
						TTCTGCTTCC900
						AACCCCAGTC960
10	TCACAAAAAT	ATTGAAATTA	TCAGAAGGGT	TATAGTGGCA	ATCTTATGTT	GAAAGGA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:671 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

30

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

	CATAAGTATG	GTTACAAGCT	GCAGGTGTCT	GCATTCCTCA	ATGGCAATGG	CAGTGGTGAG 60
	GGCACACACC	TCTCACTGTA	CATTCGTGTG	CTGCCTGGTG	CCTTTGACAA	TCTCCTTGAG120
	TGGCCCTTTG	CCCGCCGTGT	CACCTTCTCC	CTGCTGGATC	AGAGCGACCC	TGGGCTGGCT180
40	AAACCACAGC	ACGTCACTGA	GACCTTCCAC	CCCGACCCAA	ACTGGAAGAA	TTTCCAGAAG240
	CCAGGCACGT	GGCGGGGCTC	CCTGGATGAG	AGTTCTCTGG	GCTTTGGTTA	TCCCAAGTTC300
	ATCTCCCACC	AGGACATTCG	AAAGCGAAAC	TATGTGCGGG	ATGATGCAGT	CTTCATCCGT360
	GCTGCTGTTG	AACTGCCCCG	GAAGATCCTC	AGCTGAGTGC	AGGTGGGGTT	CGAGGGGAAA420
	GGACGATGGG	GCATGACCTC	AGTCAGGCAC	TGGCTGAACT	TGGAGAGGGG	GCCGGACCCC480
45	CGTCAGCTGC	TTCTGCTGCC	TAGGTTCTGT	TACCCCATCC	TCCCTCCCCC	AGCCACCACC540
	CTCAGGTGCC	TCCAATTGGT	GCTTCAGCCC	TGGCCCCTGT	GGGGAACAGG	TCTTGGGGTC600
	ATGAAGGGCT	GGAAACAAGT	GACCCCAGGG	CCTGTCTCCC	TTCTTGGGTA	GGGCAGACAT660
	GCTTGGGTGC			٠		

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:870 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 15 (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:
- CCTTCCTCTT CTGGTTCAGC GTGGCCTCCC TAATCACCCT CTTCCACCTC TTCCTCTTCA 60 AGCTCATCTA CAACGAGTAC TGTGGGCCTG GAGCCAAGCC CCTCTTCAGG AGTAAGGAAG120 25 ATCCCAGTGT CTGAGTGAAC TAACAGTCCT GCTTTCAGCC ACCATTTGCA CAAGACACCC180 AGCACTGAAA GTCCCGCTGC CAGGAGCAAG GGATCCTTTG GAAGCACCCG CCCTTTGTGC240 CTTGTTGGGG GAAACCGGTG ACGCAGAAGT GAGTGTGGAT ACACCAGAGT TTGCATTGGA300 AGGAATGAGT GTCACGTGGG GAGGGAAGGG GCCAGTGGAC CTTTTGTAAG CTTTCCACTC360 AATAAAATGA ACCTGTATGG CAAATACTTG AAATGGAACT CACTCCTTCC ACTTTCCCCC420 TTTCTTCTGT CCCAGGAAAT AGATCATCTT TTGAAAAGAC TCTTGTCTAG GAAAAGTTGT480 30 GTCCTTTTCC TAATTTAACG TGTTCTTTCT TAATGAAGTT TTAATTTATT TTTGTTGAGA540 TTTTGCTAGA TGGCTTTTGC ATCCCCTGTA GATGGTGAGT GTTGGCGGTG ATGTCCGTCT600 CGGCGTTCGG AGGCCCCACG GTCCCGAGGC TGGGCCGGGG CCCCCCAGGG TGGCTGTGCT660 GCTGCCTGTA GGAGGGTGCG GGTTGTGCTG TCATCCTCGG GTTTGCACGC CCTTTTTTAG720 GAGCCTGTGG ACATCTGTGG TTTTGTACTT TGGGGCTTCA GGGGAGGTGT TTAACTTTCT780 35 AGTGATTGAT GATTGTCAGG TTTTGAAATA CCAAAGCTTT TTTGTTCTGT TTTTAAATAA840 АТАТСТТТСА ААСТТТАААА ААААААААА
- 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1311 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 50

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

	TTAAAAGTTA	TTTATGTTTA	ATGCTTAAAA	GTCTGAATTC	ACAAACAATC	TACCATTATA 60
15	GAAGTACTGG	TGGTCAATAC	AATGCATTAG	AACTATGTAC	AACGCACAGT	TTAGTATCAA120
	AATCTTTCTA	CACTGTAGAG	TTTTACGAAA	CTGTTAATGA	CATCAAACAC	TAAGCACTTA180
	AGACACCATT	TTTTTCTGCT	ACCACATTAG	GAACGTCAAT	GGACAGTCCA	TTTCAACTTG240
	CCGCATCCAT	CCATTTCTAG	TATGAAATTA	AGTAATTTTC	TACTTATACA	ATAAAGTATA300
	TCTACACGGT	TCTTTTGATT	TTGATCCATC	GCAGCAACGG	CACTGTACAT	CAGCCTCGAG360
20	CCGATTCGGC	TCGAGCTTGC	CTGTGCCCTA	TGTCACTGAG	GCCTCACGTC	TCACTGTGCT420
	GCTGCCTCTA	GCTGCGGCTG	AGCGTGACCT	GGCCCCTGGC	TTCTTGGAGG	CCTTTGCCAC480
	TGCAGCACTG	GAGCCTGGTG	ATGCTGCGGC	AGCCCTGACC	CTGCTGCTAC	TGTATGAGCC540
	GCGCCAGGCC	CAGCGCGTGG	CCCATGCAGA			CCCATGTGGC600
	AGAGCTGGAG	CGGCGTTTCC	CCGGTGCCCG	GGTGCCATGG	CTCAGTGTGC	AGACAGCCGC660
25	ACCCTCACCA	CTACGCCTCA	TGGATCTACT	CTCCAAGAAG	CACCCGCTGG	ACACACTGTT720
	CCTGCTGGCC	GGGCCAGACA	CGGTGCTCAC	GCCTGACTTC	CTGAACCGCT	GCCGCATGCA780
	TGCCATCTCC	GGCTGGCAGG	CCTTCTTTCC	CATGCATTTC	CAAGCCTTCC	ACCCAGCTGT840
	GGCCCCACCA	CAAGGGCCTG	GGCCCCCAGA	GCTGGGCCGT	GACACTGGCC	GCTTTGATCG900
	CCAGGCAGCC	AGCGAGGCCT	GCTTCTACAA	CTCCGACTAC	GTGGCAGCCC	GTGGGCGCCT960
30	GGCGGCAGCC	TCAGAACAAG	AAGAGGAGCT	GCTGGAGAGC	CTGGATGTGT	ACGAGCTGTT1020
	CCTCCACTTC	TCCAGTCTGC	ATGTGCTGCG	GGCGGTGGAG	CCGGCGCTGC	TGCAGCGCTA1080
	CCGGGCCCAG	ACGTGCAGCG	CGAGGCTCAG	TGAGGACCTG	TACCACCGCT	GCCTCCAGAG1140
	CGTGCTTGAG	GGCCTCGGCT		· ·		AACAGGAGCA1200
	GGGCAACAGC					AAACCCACCC1260
35	CACTTCTCCC	CCAAAACCAG	AGCCACCGCC	AGCCTCGTGG	GCAGGGTTGG	C

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:1008 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:
- 10 CCGCCATCCA GCCTGTCCTT TGGACCACAC CACCCCTCCA GCATGGTCAC CGCCATGGGT 60 TAGAGCCCTG CTCGATGCTC ACAGGGCCCC CAGCGAGAGT CCCTGCAGTC CCTTTCGACT120 TGCATTTTTG CAGGAGCAGT ATCATGAAGC CTAAACGCGA TGGATATATG TTTTTGAAGG180 CAGAAAGCAA AATTATGTTT GCCACTTTGC AAAGGAGCTC ACTGTGTGT CTGTGTTCCA240 ACCACTGAAT CTGGACCCCA TCTGTGAATA AGCCATTCTG ACTCATATCC CCTATTTAAC300 15 AGGGTCTCTA GTGCTGTGAA AAAAAAAAAT GCTGAACATT GCATATAACT TATATTGTAA360 GAAATACTGT ACAATGACTT TATTGCATCT GGGTAGCTGT AAGGCATGAA GGATGCCAAG420 AAGTTTAAGG AATATGGGAG AAATAGTGTG GAAATTAAGA AGAAACTAGG TCTGATATTC480 AAATGGACAA ACTGCCAGTT TTGTTTCCTT TCACTGGCCA CAGTTGTTTG ATGCATTAAA540 AGAAAGGCGA ATCATTTGTT CAAAGCTGTT GGCCTCTGCA AAGGAAATAC CAGTTCTGGG600 20 CAATCAGTGT TACCGTTCAC CAGTTGCCAT TGAGGGTTTC AGAGAGCCTT TTTCTAGGCC660 TACATGCTTT GTGAACAAGT CCCTGTAATT GTTGTTTGTA TGTATAATTC AAAGCACCAA720 AATAAGAAAA GATGTAGATT TATTTCATCA TATTATACAG ACCGAACTGT TGTATAAATT780 TATTTACTGC TAGTCTTAAG AACTGCTTTC TTTCGTTTGT TTGTTTCAAT ATTTTCCTTC840 TCTCTCAATT TTTGGTTGAA TAAACTAGAT TACATTCAGT TGGCCTAAGG TGGTTGTGCT900 25 CGGAGGGTTT CTTGTTTCTT TTCCATTTTG TTTTTGGGAT GATATTTATT AAATAGCTCC960 TAAGAGTCCG GCGCCATCTG TCTTGTCCCT ATTCCTGCAG CCTGTGCT
 - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

5

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:706 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- 35 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

	CTTCCCCCAA	ACCCACGAGG	GGACGCGGCC	GAGGAGGGTC	GCTGTCCACC	CGGGGGCGTG 60
	GGAGTGAGGA	CTGCAAGAGG	GAGGAAGGCG	GGAACCTAGG	AGGCCTGATT	AAGATGGTCC120
	ATCTACTGGT	CTTGTCAGGT	GCCTGGGGCA	TGCAAATGTG	GGTGACCTTC	GTCTCAGGCT180
5	тестветтт	CCGAAGCCTT	CCCCGACATA	CCTTCGGACT	AGTGCAGAGC	AAACTCTTCC240
•	CCTTCTACTT	CCACATCTCC	ATGGGCTGTG	CCTTCATCAA	CCTCTGCATC	TTGGCTTCAC300
	AGCATGCTTG	GGCTCAGCTC	ACATTCTGGG	AGGCCAGCCA	GCTTTACCTG	CTGTTCCTGA360
	GCCTTACGCT	GGCCACTGTC	AACGCCCGCT	GGCTGGAACC	CCGCACCACA	GCTGCCATGT420
	GGGCCCTGCA	AACCGTGGAG	AAGGAGCGAG	GCCTGGGTGG	GGAGGTACCA	GGCAGCCACC480
10	AGGGTCCCGA	TCCCTACCGC	CAGCTGCGAG	AGAAGGACCC	CAAGTACAGT	GCTCTCCGCC540
	AGAATTTCTT	CCGCTACCAT	GGGCTGTCCT	CTCTTTGCAA	TCTGGGCTGC	GTCCTGAGCA600
	ATGGGCTCTG	TCTCGCTGGC	CTTGCCCTGG	AAATAAGGAG	CCTCTAGCAT	GGGCCCTGCA660
	TGCTAATAAA	TGCTTCTTCA	GAAATGGCAA	AAAAAAAAA	AAAAT	

20

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:450 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

TAATGTTTAA AATTCAATTA GGATTTACCT TACTGCTGTA AAATCTGGTC TATTTTAGTT 60
TCCTCTGGGT AGTTAGTGTT GCTAATAAGA TGGACGTAAG TGTTTTTGAA CTGGTGAATT120
CTGATTGCTT TTAGCCCCCA GTTTTCCAAA TAGGGGTGAA TTCTGGGTAG AGATAGAACA180
ATCACCAAGT TACCTTGCTC CAAAAAAGAA ATTTACGTAT GGGATTGTTT TCAAAGCGGG240
AAGTTAGCTG TGTAAATAAC AACAATTTTA TATATTTAAT CTGGGCTTCT CCTTATCTTG300
AATGATATAA AAATCTACTT TCTAGATTAA TTTAGTTCCA TATAACTTTG TATTGCTTTG360
ACTGTACTGA TAATAAAGTT TGAAAGTGTT AAATTTAAAA AAGAAAAAAA GAGGCAAAAG420
GAAAGACAAG AAAGGGACCC GGGAGGGATC

- 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:418 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 15 (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

cgaagattca aaagctccaa aaacctactg tagacatcga agaaccaata tatacaatgg 60 gccaacaatc cagtgtccgc aggctgaaga ggagcgtccc ctgtgaatcc aacgaggcca120 acgaggccaa tgaggccaac aagacgatgc cggagacccc aactggggac tcagacccgc180 aacctgctcc taaaaaaatg aaaacatctg agtcctcgac catactagtg gttcgctaca240 ggaggaacgt gaaaagaaca tctccagagg aactggtgaa tgaccacgcc cgagagaaca300 gaatcaaccc cgaccaaatg gaggaggagg aattcataga aatacgacta aagccttaaa360 agtagcaaga agctacatcc ctcaaacttc ggcaatgaaa ataaagtttg agaagctg

30

35

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:548 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```
gggccgcat gccactttcc tgcccagag tttaaacaga aagaagagtg tacaatccgt 60 ggccggagcc tgatacggat gagcatccag gggacacctg gaacctcccc aactccatca120 agaccctggt ggacaacatt cagagatatg tggaagatgg gaagaaccag ctgctcctgg180 ccttgctgaa gtgcacagac acggagctgc agctgcgcag agacgcgatc ttctgccagg240 ccctggtggc cgccgtgtgc accttctccg agcagctgct ggcggccctg ggctaccgct300 acaacaacaa tggcgagtac gaggagagca gccgcgacgc cagccgcaag tggctggagc360 aggtggcggc cacgggcgtc ctgctgcact gccagtccct gctctcgcga gcgacagtga420 aggaggacg ggccatgctg gaggtcatct gggtgacgct gtcagagctg gacaatttga480 ccttctccct ttaagggagc tgggccgga actattttgg gcaagcacca aatgtgtttt540 accgcatt
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

20

5

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:999 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- 25 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

```
CAAGATGACC TCTCCCGTCT ACGGCACCGA CATGATGGTG GGCATCGGGA CGTCGGATGT 60

45 GGACCTGGAC AAATACCGCC ACACGTTCTG CAGCCTGCTG GGCAGGGATG AGGACAGCTG120

GGGCCTCTCC TACACGGGCC TCCTCCACCA CAAGGGCGAC AAGACCAGCT TCTCGTCGCG180

GTTCGGCCAG GGCTCCATCA TTGGCGTGCA CCTGGACACC TGGCACGGCA CACTCACCTT240

TTTCAAGAAC AGGAAGTGTA TAGGTGTGC AGCCACCAAG CTGCAGAACA AGAGATTCTA300

CCCGATGGTG TGCTCCACGG CGGCCCGGAG CAGCATGAAG GTCACCCGCT CCTGTGCCAG360

CGCCACTTCC CTCCAGTACC TGTGCTGCCA CCGCCTGCGC CACTGCGGC AGACTCGGGA420

GACACGCTGG AGGGTCTGCC GCTGCCGCC GGCCTCAAGC AGGTGCTACA CAACAAGCTG480

GGCTGGGTCC TGAGCATGAG TTGCAGCCGC CGCAAGGTCC AGTGTCCGAT CCCCAGGCAG540
```

CGACCTCCGC	CCACCCCAGC	AGTCGCGAGC	CTCGGCCCTG	CCAGAGGAAG	CGCTGCCGCC600
GGACCTGACT	GACTTCCCAG	TGGAACTGCC	TTCTTGGGCT	GGGACAGCCC	TTTCCTCTGT660
CCCTTCTTTC	TCTGTCCCTT	CCTTCCAGCC	ACACTCCAGG	GCGGAGTTGG	ATGAGGCCCG720
TCCGGAGGGA	GCCATCTCTT	GCTCCCGAGG	CTGGGACAGT	CCTTTCTGTG	GGGGCTCTAG780
GGCCCCTCTG	CTGCTGTGCT	GGGTGGGGAA	GCGGCTGCCC	TGAGCCCCAG	GTCTTGTGGG840
AGGCTGCGAG	GACGAGAGCC	TGGCTGGAGC	CCGCGTTGCT	GTTCCCACAG	GGCCTCGGTT900
TTTCCTAACT	TGCTCTGCAT	GCTGTCAGCG	GCTGCCCCGC	CGTCATAGAC	TTAAAGGACT960
GCAATAAATG	TAGAGTTGAT	GTCTAACAAA	CAAAAAAAA		
	GGACCTGACT CCCTTCTTTC TCCGGAGGA GGCCCCTCTG AGGCTGCGAG TTTCCTAACT	GGACCTGACT GACTTCCCAG CCCTTCTTC TCTGTCCCTT TCCGGAGGGA GCCATCTCTT GGCCCCTCTG CTGCTGCT AGGCTGCGAG GACGAGACC TTTCCTAACT TGCTCTGCAT	GGACCTGACT GACTTCCCAG TGGAACTGCC CCCTTCTTTC TCTGTCCCTT CCTTCCAGCC TCCGGAGGA GCCATCTCTT GCTCCGAGG GGCCCCTCTG CTGCTGTGCT GGGTGGGGAA AGGCTGCGAG GACGAGAGCC TGGCTGGAGC TTTCCTAACT TGCTCTGCAT GCTGTCAGCG	GGACCTGACT GACTTCCCAG TGGAACTGCC TTCTTGGGCT CCCTTCTTTC TCTGTCCCTT CCTTCCAGCC ACACTCCAGG TCCGGAGGAA GCCATCTCTT GCTCCCGAGG CTGGGACAGT GGCCCCTCTG CTGCTGTGCT GGGTGGGAA GCGCTGCCC AGGCTGCGAG GACGAGAGCC TGGCTGGAGC CCGCGTTGCT	CGACCTCCGC CCACCCCAGC AGTCGCGAGC CTCGGCCCTG CCAGAGGAAG GGACCTGACT GACTTCCCAG TGGAACTGCC TTCTTGGGCT GGGACAGCCC CCCTTCTTC TCTGTCCCTT CCTTCCAGCC ACACTCCAGG GCGAGTTGG TCCGGAGGA GCCATCTCTT GCTCCCGAGG CTGGGACAGT CCTTTCTGTG GGCCCCTCTG CTGCTGTGCT GGGTGGGGAA GCGGCTGCCC TGAGCCCCAG AGGCTGCGAG GACGAGAGCC TGGCTGGAGC CCGCGTTGCT GTTCCCACAG TTTCCTAACT TGCTCTGCAT GCTGTCAGCG GCTGCCCCGC CGTCATAGAC GCAATAAATG TAGAGTTGAT GTCTAACAAA CAAAAAAAA

15

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:311 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 30
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

35

40

gggactttct ctgaatgcag atttgttctg aatgttatca ccataggagg atttgtgaca 60 gggagtgcca tgatcaaatt tctgattttt gaatgttgtt tgtaatagca ggtttgggat120 ggtttgaagg agtagtagac aaaaggctga aaaccctgtc ggagagcagt agtccaggag180 agatgaaact gagtgataga atggaaaaga aaggttttga gaggtgtgtt ggggaaggga240 ggttggagaa ataactttct gattgccaaa catgtgttca gacattctgc tcatccttat300 ctatttaatt t

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 527 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- 50 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 10 (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

```
GAGACCTCTT GCAAGATGCT TCTCTGCCGC CATAGGCTGG AGGTTCCCCG GGAAATTTTC 60
CCTTCCTTCC TAGCTGAGGA AGATCCCTCA CTTCCGCTCG CCGCGCCACC GGTCCCACCT120
CCCCGCCCCC CGCTGGGTCC TAGCGCCGGC CCCTGTTTGG CAGGGTCCGG GCTCCGTCGG180
TGCGAGGAGC CGACGCCGAC GCCACGGAGT CAGCACAAGT CTCATCAGAG AAACCCCGTT240
CACCAAGGCC ATGGAAGTGG AGGCTGCAGA GGCCCGGTCC CCAGCCCCCG GCTACAAGCG300
CTCGGGCCGC CGCTACAAGT GCCTGTCCTG TACCAAGACA TTTCCAAACG CGCCCAGGGC360
AGCGCGCCAC GCTGCCACAC ATGGGCCGGC AGACTGCTCT GAAGAGGTGG CCGAGGTGAA420
CGACGCCAAG CCTAGGCCCT TATCGGTGTC CGCTATGCCC CAAGGCC
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

30

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:359 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- 35 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

GTTCCAGACA GAAGAAATAG CAAGTGCCGA GAAGCTGGCA TCAGAAAAAC AGAGGGGAGA 60
TTTGTGTGGC TGCAGCCGAG GGAGACCAGG AAGATCTGCA TGGTGGGAAG GACCTGATGA120
TACAGAGGTG AGAAATAAGA AAGGCTGCTG ACTTTACCAT CTGAGGCCAC ACATCTGGTG180
AAATGGAGAT AATTAACATC ACTAGAAACA GCAAGATGAC AATATAATGT CTAAGTAGTG240
ACATGTTTTT GCACATTTCC AGCCCCTTTA AATATCCACA CACACAGGAA GCACAAAAGG300
AAGCACAGAG ATCCCTGGGA GAAATGCCCG GCCGCCATCT TGGGTCATCG ATGAGCCTC

10

15

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1482 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

35 eggggegete eggggaggee aggacagetg atggttgtge cagaaacate teaaggtage 60 tggtccqccc ccacttcccc atctacctct tgtcctcccc ccaacaccac caccaccctg120 gctcccctcc ctcatgaccg cctggatcct cctgcctgtc agcctgtcag cgttctccat180 cactggcata tggactgtgc agcccaaggc tgtgatgaac caccatgtat gccctgtgga240 gaactggtcc tacaacgagt cctgccctcc tgaccctgct gagcaagggg gtcccaagac300 40 ctgctgcacc ctggacgatg tccccctcat cagcaagtgt ggctcctatc ccccagaaag360 ctgcctcttc agcctcattg gcaacatggg tgctttcatg gtggccctga tctgcctcct420 gcgctacggg cagctcctgg agcagagtcg gcactcttgg gttaacacca cggcactcat480 cacaggetge accaaegetg egggeetett ggtggttgge aacttteagg tggateatgc540 caggictetg cactacgitg gagetggegt ggeetteect geggggetge tettigtitg600 45 cctgcactgt gctctctcct accaaggggc caccgccccg ctggacctgg ctgtggccta660 tctgcgaagt gtgctggctg tcatcgcctt tatcaccctg gtcctcagtg gagtcttctt720 tgtccatgag agttctcagc tgcaacatgg ggcagccctg tgtgagtggg tgtgtgtcat780 cgatatecte attttetatg geacetteag etacgagttt ggggeagtet ceteagacae840 actggtggct gcactgcagc ctacccctgg ccgggcctgc aagtcctccg ggagcagcag900 50 cacctccacc cacctcaact gtgcccccga gagcatcgct atgatctaag gtctgggggg960 ggtggctggc ccggcctcca cagcacccca ccccatatct tctttccatt tatttcgtac1020 caaaaacaat tttgagaaag tattctgttg ggatctgggc ttcctcactt ctggagaagt1080

```
ggccatccca tgcccacctg tgccatggag gagtgggccc tgccagctgc cacagctgca1140 tgacctgctt ccccaccca cggtgtcgtt ttgttttaa aggtcacctg tcctcactca1200 cccagccagc ccttcaggtg ccttctactc ccagtgccaa agccagacca ctggggtttc1260 ctgctgcagg aattgggggc tgggaacagc agaggggata gaagtctggt ggaggtggag1320 tgggcacgcc ttagcctacg gaaaaaccca tttctgggcc cactgagctg cactgggatt1380 cttcactctg cccctcactt cctttagggc aaataacaca gcagaaccac gtgggtattt1440 tagtactttt ttttatatta aaaaaaaact aaattggcaa aa
```

- 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:316 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
- 15 (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- 30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:
- gaaatccaaa caactgccat tgatttattc atttatttca caaatattta ctgaacgcat 60 ccagcatgct ctgtggggtg ctgtgctggg gctgggggtg ccaggatgag aaacagccgt120 gtggctgtgc tcttggcttc accagccaga cgagtgttgc ctttgcaagg agaaaggact180 cacaaggctt acacatttgc tgccctcagt tttgcccttt ctcaaataaa tctcacacat240 ccaatctcct tgtggcccat tagggagtat ataatgaaat taagtaaatg aggaattgcc300 taaaactaag ggagtt
 - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:
- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:369 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 10 (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:
- cttcagccgc attcagcccc tacttacctg gggaccccgg ctggggcacg agagtaccag 60
 gggggtaggg cccaaaggga tcaggggaag cctctggct ggagggtatg gggcacgctt120
 ccccaagggc ggacccggca ggaggaagcc caggagctgg gtcctgccgc ccaggagctg180
 ggccctgcca cccaggccgg gctagggaca tggcagggcc tgggcatcct gacgctggac240
 ttgggcgacc tgggaggcac agggaggga gagatgggcg ggcccgccc agcgcagtgc300
 cggccacacc catgcaccga agctcctcc tgccacgcc caaggcggtt gccggagctt360
 accgggggt
 - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:
- 30 (i) SE
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 591 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

35

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 45 (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

ggcgcatccg agccatggce cagcaggtgt ttatgctgga cacccagtgc tcaccaaaga 60 caccaaacaa ctttgaccac gctcagtcct gccagctcat tattgagctg cctcctgatg120 aaaaaccaaa tggacacacc aagaaaagcg tgtctttcag ggaaattgtg gtgagcctgc180 tgtctcatca ggtgttactc cagaacttat atgacatctt gttagaagag tttgtcaaag240 gccctctcc tggagaggaa aagacgatac aagtgccaga agccaagctg gctggettcc300 tcagatacat ctctatgcag aacttggcag tcatattcga cctgctgctg gactcttata360 ggactgccag ggagtttgac accagccccg ggctgaagtg cctgctgaag aaagtgtctg420 acgccctggt gtgtgctgtt ctcaccaatc aagaaaccat cacggccgag caagtgaaga540 aggtcctttt tgaggacgac gagagaagca cggattctc ccagcagtgt t

15

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1631 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

```
gcccagcag gtctccgagc agccactggg acccgtctca gcacatcctg gcctttgaaa 60 gtctgatatc ctgagaggag ggcaggttt agggccgcag ttccagccag cgtcccagc120 ctggcttccc tgccatggac tcagtagctc gtggggcttc ttaccacca ccagccccgc180 ttggggtgcgg cctggctgtg ggcaaaggag gacttgcctg gagatttgag agaagattcc240 ttctaccagg gctgctgagg ggccaggcct gcatcagggg ctaggctctg gctgggcccg300 gaggctgaga ctaaggcttt cgaccctggt gcctccatgt ggatgctgcc tcagacaaag360 gcagtgagcc ttccctgcca aagtgcccat cccatgggct cggcctcact ggtcactgtt420 agcccatgaa cacgtgtggg cctcggtcac gtggctttaa gggcagtctg accaggctag480 accacacgtg ccgtgacagg gggtgccatt cccctcgcag gctctaatgt gccacatgt540 agcctggcag tccaaagacc aagaatcaac ttgcaaatct gccattaaac tgctgtgcga600 cttcaggcat atcactgcct tctctgggct tcagtgtcct tttcatacct agaagtctgc660 ggtctgaggc tctttgggtt cagacacact gttctaggct tctgtagggg accttgtgat720
```

```
ctgccgtgcc cctcctcct gttcttttct gtcctcccca ccccaccctc agaagctgct780
    tgctctgccc ccaggacagg agcttgacgg atgaagtgca gccagccacc caggtgccat840
    ttccagtctg acttccagaa atgtgcacca tgtcctagag cacagaccca ttggctggag900
    cctcctggga gggttcaaac catcagctct atgagaaatg cccagaaagg ctttgccgac960
    tccatccgtc tgtggaggct gcctgcctcc ggggtgggat gggtggtttc tcctccaatt1020
    cagacccaag aggtagcccc cgagggcatg tacctggtgg gaagcagctc aggtaccctt1080
    gggggttgca gggcccttac gcaggtattt ctctctctct cctctctggg gtgcgtgtgt1140
    gcgtgcgcgt gtgcgtgcct atgcttttct ctgtgggcac atcaggatgc ccctcggaga1200
    gcatgtgcac gtgtccccac ctgagcgagc gtgtgtgtgt gctcctctgc gtcccaggtt1260
    tggacgtcta gggtttggtg tgcctgtctt ctgccctccc tgagcccaca gggtcagtca1320
10
    atgtatette taegtgeete teeetetgee tteteteaea gtgeeeeegg eteeagaget1380
    caggggtagg ggttctcctg agggtgcagg ggatccttct catctcctgg accctccagg1440
    gcactctggt ccctattccc cagctcctag gcagctgagc cgggtccctt aggggaggtg1500
    accaggaget ttggtgcagg gagetettgg tggggcaaag ggetggaeee etgeeaggte1560
15
    tgtggacatg gttatatgcc cggggagagg ggggtgcagg gccccaggga tggcccccaa1620
    tcccacctct g
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

20

25

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 844 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

WO 99/46374

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

```
tatttttt tttactgata tattgtagtt taataaaaca tagtttatac agttcattga 60
aaaagtattt taatacaaac accacttata cacaaaacca aatgttgata ttcttgttt120
taaaaattct tgatttctct aaaacactaa gatgctatct caatagagat tgcttcacat180
tttccagttt cttgatctgt gcatgtcaca tgtaaagatc catccctttt catagtaaga240
acagctaata tatcacgtaa tccattttct tttttatcta aatcctggag tacaacctgt300
gcaaacttgg tttcctcttt ggcagagttc ttcccatcag actcatagag ttcaaggcac360
actgaagata tgcttccagg ggcttgcaat gtgtgttgtc ttcgagctgg caaaggagtc420
cctgatggaa acagcactgt gaatctactg gctcctgatt cngtccacac ccttaactaa480
aatatctctg gctgaacact ctatcataag agagtcttcc accaacaggt tttctttccc540
aataagaatt cctgcttcta tagctgcacc aatagggatc acttcatcag gagggataga600
```

attgagaagc tcaacagctg ggaaaagatc tttaatcagt tgctgtagct ttgggattcg660 agaagaccct ccacaaagga caaccttgtt gatatcatct gctgtaaatc cattttgatc720 taagagtcct ctgattgctt ctatacactt attaaaaagt ggagaacaaa gaagttcaaa780 tcttgctctg gacacattgc aatcaaaatc ttgaccttca tataatgagt caagaaaaca840 gttg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1563 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

15

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

25

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

aatgtagaga aagtggactc atcccccaag cgttgtctgc ccccactctt tcctccttgg 60 gtcccgccat tcttttactg ggcagtcgag ggcattggag gggaagtgac tgccctcagc120 ctcactccct ggggccatga agaaaagcta aacagtctca tggcatctca gaataatgtt180 35 gggtctccca agaagaaagg tgtaagaata acgacatggc tgattaggcg aggccaggat240 agggctaagg ccaggattcc tggctggcat ccagtcaccc cttctcccat ccttcccct300 cttcttccac aagtccgcag ccgagacact gtagtctccc agccacagtg atgagtgccc360 tggagactcc actgacctct agatgaaggc ccctggccct ggttcctgtt aattaacctc420 tgggtctttg agtcccccag cacaaacttc tttcctgtac cctgcggctt ggggtcacag480 40 ggcatgccgg gaagccacag ctgaggggcg cagactgaag cagtgctcca cctctccttc540 tttagctcag gggttgctgg tctgtggcag gcgccacgag tggcccctgt ggctgttctc600 agtggcagtc tcttaagttc ccaccacagg cagctcttta tcccctctcc ctacttgact660 ctttctcttg cctgtgcttt tggcctcaaa caggcctgct ggtagcgctc agggcgtgag720 gctacactcc tgccctgcct ttcctgtctt catggtctgc cagggcatac cttggggagg780 45 tggaccaaag acccaggact ttttgcagta gccagtccta ccccccagtt gtcttttac840 caattcaggg tgggagagaa aactgcagca ccccagcatg tgagttactc aggtgttggg900 ggctagaagg gacagtgcgt ttaaacaaca ctcagagctc tggccttaaa cctgtggccc960 cccaagtcta ggagcctcat ctcttcctgg cagtcatgcg ggcaggaggt cctgaaaggg1020 aaaacccatt cagacaactg ttccccaatc taccagccat ctgcaggggt cagtgaccgt1080 50 ggccctctcc ctcctctaga atgtgccact tatgaagagt gccccatggg gaaaaggaga1140 ctcagctgtc ccttggcagc ttgtgccagt atcccagggc agaagtttcc acaggagcct1200 cttgcccttg cgcagagcca ctgtgagagg cggtgggagc caacaccctt gggggagggg1260 WO 99/46374 101 PCT/DE99/00721

gcagtactgc tcggcacatc ccagcatcag gtcagatcat tgaaattaaa aaatgtgaat1320 taagttcata tccaccttt ggggaagcag gacaaaccac cacccacca agtgtgtgac1380 ttctccatat cccactgcag tttccattt ttaaatggga attttcaatc ccctgtgctt1440 gtctaacgtc tgctttaaaa agtttgagac cctgttactg tttgaaaatg catgcatgtt1500 acgatgaatc tccaacctga ggaaaaaaat aaaactcaaa agctttgtg taaaaaaaaa1560 aaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

10

15

5

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:1557 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

ctacggtcag ccagggtagc cccatggccc cagcccctac ccccaagggg gctacccaca 60 35 gggtccctac ccccaagggg gctacccaca gggcccctac ccacaagagg gctacccaca120 gggcccctac ccccaagggg gctaccccca ggggccatat ccccagagcc ccttcggccc180 ccaaccccta tggacagcca caggtcttcc caggacaaga ccctgactca ccccagcatg240 gaaactacca ggaggagggt cccccatcct actatgacaa ccaggacttc cctgccacca300 actgggatga caagagcatc cgacaggcct tcatecgcaa ggtgttccta gtgctgacct360 40 tgcagctgtc ggtgaccctg tccacggtgt ctgtgttcac ttttgttgcg gaggtgaagg420 gctttgtccg ggagaatgtc tggacctact atgtctccta tgctgtcttc ttcatctctc480 tcatcgtcct cagctgttgt ggggacttcc ggcgaaagca cccctggaac cttgttgcac540 tgcagtcggt cctgaccgcc agcctgtcgt acatggtggg gatgatcgcc agcttctaca600 acaccgagge agteateatg geogtgggea teaccacage egtetgette acegtegtea660 45 tettetecat geagaceege tacgaettea ceteatgeat gggegtgete etggtgagea720 tggtggtgct cttcatcttc qccattctct qcatcttcat ccqqaaccgc atcctgqaqa780 tegtgtacge etcactggge getetgetet teacetgett cetegeagtg gacacceage840 tgctgctggg gaacaagcag ctgtccctga gcccagaaga gtatgtgttt gctgcgctga900 acctgtacac agacatcatc aacatcttcc tgtacatcct caccatcatt ggccgcgcca960 50 aggagtagec gagetecage tegetgtgee egeteaggtg geaeggetgg cetggaccet1020 gcccctggca cggcagtgca gctgtacttc ccctctctct tgtccccagg cacagcctag1080 ggaaaaggat gcctctctcc aaccctcctg tatgtacact gcagatactt ccatttggac1140 ccgctqtgqc cacagcatqq cccctttagt cctcccgccc ccgccaaggg gcaccaaggc1200 cacgtttccg tgccacctc tgtctactca ttgttgcatg agccctgtct gccagcccac1260 cccagggact gggggcagca ccaggtcccg gggagaggga ttgagccaag aggtgagggt1320 gcacgtcttc cctcctgtcc cagctcccca gcctggcgta gagcacccct ccccccc1380 ccaccccct ggagtgctgc cctctgggga catgcggagt gggggtctta tccctgtgct1440 gagccctgag ggcagagagg atggcatgtt tcaggggagg gggaagcctt cctctcaatt1500 tgttgtcagt gaaattccaa taaatgggat ttgctctctg ccaaaaaaaa aaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

10

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1381 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

```
agtactctga cacctccacc ctctacttta ttagaattgg aaggcaaatt tttgtccaaa 60
     aacctacaga caagtacttt gagagaattt ccaatataat attagacata atgataattt120
35
     tttccatact cagaatgaaa aactggatat tacgtttttg ttttgggggtt tttttgtaca180
     aatttagcta atagctacag gctgagagaa ttgtaacata gcatgacaaa ttttgtgttg240
     acttgaaagg aatcacacca ttattcctta gaagtaatta catgtgttct aacacatttg300
     agacagggtt ggactcccat ttctcatccg agaaattact taacccttcc tggcgctgta360
     cagtcatctt ttattctatt tcctctttgc tgtttgtagt agagacattt tgaatgaaac420
40
     ttggcactgc ttgattcaaa actgtggaaa ccagatctgt ttagtctcct gtttgtatgc480
     gtttgctaat ggtagctaaa taaccagttt ttgttgtaaa tgcaccaatt ctgaaggcac540
     tttatgtact acatggaggt catatctggt tttgttttta tttttttatc atgaacatta600
     aatgtgatga tgatttcttt tccctgcaca catctttccg gtgcaatatc tatcaattgt660
     gaatctggct gctggtgtat aaaaacctgg atgtaaagct gagcctacag acctgtcctc720
45
     accaactgtt ttgtgatttc tactcaacta caaagattta tttaatgtac tcttaatcta780
     actgagtttt gttaccaatg acctgttgca tgcttcaata ccgtgtactg cctgagttgt840
     gcctcttgtg tgctagatta aaagtgagac agagacttga cttgatcctc tgagctcaag900
     ctattgagct ggtagtggca gaggactgag ggtacctgca cagtttgatt cttttccacg960
     tgtaagtctc cattgcagaa ttgtcgtgct ttgagaaaac acctgaggca gtgtgggagt1020
50
     tgaacgaccc tgctgtcctt tttaacctgt gttgtcctag accctgtcgg ggcagtcagg1080
     ggacactaga gatttgatct catgcgagtc atcaatagga caaaaaagtt gtggtttggg1140
     gaggtctgtt tgttacataa aaaggacctt tcggtgtaag aaattgccgt ttttaccctg1200
```

PCT/DE99/00721

ccctggctgg catgtgagaa gccatggaag gttgtggttg taaatgagtt gtctaaaggg1260 gtgcagaggc ctgaggtttc taaaagaagg tagatttcta cagagctgag tgttggttcc1320 tttttcttat tggttgaaaa ttacctggta gtgatcagaa aacttagatg ctatgtaact1380 a

5

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 615 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

30

35

```
gttgctccag tgtttgaaat aagaagactc atgtttatct ctggagacct tgctggcagt 60 gctagccagg aaacagagtg accaagggac aagaagggac ttgcctaaag ccacccagca120 actcagcagc agaaccaaga tgggccccag gctcctccat atggcccagg gcttaccacc180 ctatcacacg tggccttgtc tagacccagt cctgagcagg ggagaggctc ttgagacctg240 atgccctcct acccacatgg ttctcccact gccctgtctg ctctgctgct acagaggggc300 agggcctccc ccagcccacg cttaggaatg cttggcctct ggcaggcagg cagctgtacc360 caagctggtg ggcaggggc tggaaggcac caggcctcag gaggagccc atagtcccgc420 ctgcagcctg taaccatcgg ctggacccc acccacgagggccccac acccacgcc tgtgggtgat480 ggtcacggtg ggtgggtggg ggctgaccc aggtcacaata aggccatt tttacaaggt600
```

40 aaaatggcat aactg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 834 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- 50 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```
ccggaaccag aactggaatc cgcccttacc gcttgctgcc aaaacagtgg gggctgaact 60
    gacctctccc ctttgggaga gaaaaactgt ctgggagctt gacaaaggca tgcaggagag120
20
    aacaggagca gccacagcca ggagggagag ccttccccaa gcaaacaatc cagagcagct180
    gtgcaaacaa cggtgcataa atgaggcctc ctggaccatg aagcgagtcc tgagctgcgt240
    cccggagccc acggtggtca tggctgccag agcgctctgc atgctggggc tggtcctggc300
     cttgctgtcc tccagctctg ctgaggagta cgtgggcctg tctgcaaacc agtgtgccgt360
     gccagccaag gacagggtgg actgcggcta cccccatgtc acccccaagg agtgcaacaa420
25
    ccggggctgc tgctttgact ccaggatccc tggagtgcct tggtgtttca agcccctqca480
    ggaagcagaa tgcaccttct gaggcacctc cagctgcccc cggccggggg atgcgaggct540
    cggagcaccc ttgcccggct gtgattgctg ccaggcactg ttcatctcaq cttttctqtc600
     cctttgctcc cggcaagcgc ttctgctgaa agttcatatc tggagcctga tgtcttaacg660
     aataaaggtc ccatgctcca cccgaggaca gttcttcgtg cctgagactt tctgaggttg720
30
     tgctttattt ctgctgcgtc gtggacagcg ggagggtgtc aggggagagt ctgcccaggc780
     ctcaagggca ggaaaagact ccctaaggag ctgcagtgca tgcaaggata tttt
```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:
- 35
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 997 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- 40 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```
tgcctctctg caatagacag ctactgtcaa tacatgctgt aatttgacat tctgggtcac 60
    agatataagg tatttaaaat ctatttatgc tttatagaga aaccagacat taaaacttca120
    tgcactactt atttcgaatt actgtacctt atccaaattt acacctagct attaggatct180
10
    tcaacccagg taacaggaat aattctgtgg tttcattttt ctgtaaacaa ctgaaagaat240
    aattagatca tattctagta tgttctgaaa tatctttaag actgatctta aaaactaact300
     tctaagatga tttcatcttc tcatagtata gagtttactt tgtacacgtt tgaaaccaac360
     tactgtagaa gatgaggaat ctattgtaat tttttgcttt attttcatct gccagtggac420
     ttatttgaaa ttttcacttt agtcaaatta ttttttgtat tagtttttga tgcagacata480
15
     aaaatagcaa tcattttaaa ttgtcaaaat ttccagatta ctggtaaaaa ttatttgaaa540
     acaaacttat gggtaataaa ggctagtcag aaccctatac cataaagtgt agttaccata600
     cagattaata tgtagcaaaa atgtatgctt gatatttctc aactgtgtta atttttctgc660
     tgtattccag ctgaccaaaa caatattaag aatgcatctt tataaatggg tgctaattga720
20
     taatggaaat aatttagtaa tggactatac aggatgttaa taatgaagcc atatgtttat780
     gtctggattt aaaaatttta aacaatcatt tactatgtca tttttcttta ccttgaagaa840
     cataaactgt tatttcactt ctacaaatca gcaagatatt atttatggca agaaatattc900
     cattgaaata ttgtgctgta acatgggaaa gtgtaaatgt ttttcatggt ttctatcaat960
     gtgaaataaa atttaattct gaaaaaaaaa agaaaga
```

25

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

caaacagctg gggcccaaga tcgtcatcgt gagcaagatg atgaaggacg tgttcttctt 60

cctcttctc ctcgcgtgt gctggtagcc tatggcgtgg ccacggaggg gctcctgagg120 ccacgggaca gtgacttcc aagtatcctg cgccgcgtct tctaccgtcc ctacctgcag180 atcttcgggc agattccca ggaggacatg gacgtggcc tcatggagca cagcaactgc240 tcgtcggagc ccggcttctg ggcacacct cctggggccc aggcgggac ctgcgtctcc300 cagtatgcca actggctggt ggtgctgctc ctcgtcatct tcctgctcgt ggccaacatc360 ctgctggtca acttgctcat tgccatgttc agttacacat tcggcaaagt acagggcaac420 agcgatctct actggaaggc gcaggttacc gcctcatccg ggaattccac tctcggcccg480 cgctggccc gcctttatc gtcatctcc acttgcgct cctgctcagg caattgtgca540 ggcgagcc

10

15

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1448 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

30

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

gtatttcgtg agaagttcaa caccaaaact ggaacatagt tctccttcaa gtgttggcga 60 cacgggcgct tcctgattct ggaatataac tttgtgtaaa ttaacagcca cctatagaag120 agtocatotg ctgtgaagga gagacagaga actotgggtt ccgtcgtcct gtccacgtgc180 40 tgtaccaagt gctggtgcca gcctgttacc tgttctcact gaaaagtctg gctaatgctc240 ttgtgtagtc acttctgatt ctgacaatca atcaatcaat ggcctagagc actgactgtt300 aacacaaacg tcactagcaa agtagcaaca gctttaagtc taaatacaaa gctgttctgt360 gtgagaattt tttaaaaggc tacttgtata ataacccttg tcatttttaa tgtacaaaac420 gctattaagt ggcttagaat ttgaacattt gtggtcttta tttactttgc ttcgtgtgtg480 45 ggcaaagcaa catcttccct aaatatatat taccaagaaa agcaagaagc agattaggtt540 tttgacaaaa caaacaggcc aaaagggggc tgacctggag cagagcatgg tgagaggcaa600 ggcatgagag ggcaagtttg ttgtggacag atctgtgcct actttattac tggagtaaaa660 qaaaacaaaq ttcattqatq tcgaaggata tatacaqtqt tagaaattaq qactqtttaq720 aaaaacagga atacaatggt tgtttttatc atagtgtaca catttagctt gtggtaaatg780 actcacaaaa ctgattttaa aatcaagtta atgtgaattt tgaaaattac tacttaatcc840 50 taattcacaa taacaatggc attaaggttt gacttgagtt ggttcttagt attatttatg900 gtaaataggc tcttaccact tgcaaataac tggccacatc attaatgact gacttcccag960 taaggctctc taaggggtaa gtaggaggat ccacaggatt tgagatgcta aggccccaga1020 gatcgtttga tccaaccctc ttatttcag aggggaaaat ggggcctaga agttacagag1080 catctagctg gtgcgctggc acccctggcc tcacacagac tcccgagtag ctgggactac1140 aggcacacag tcactgaagc aggccctgtt tgcaattcac gttgccacct ccaacttaaa1200 cattcttcat atgtgatgtc cttagtcact aaggttaaac tttcccaccc agaaaaggca1260 acttagataa aatcttagag tactttcata ctcttctaag tcctcttcca gcctcacttt1320 gagtcctcct tggggttgat aggaatttc tcttgcttc tcaataaagt ctctattcat1380 ctcatgtta atttgtacgc atagaattgc tgagaaataa aatgttctgt tcaacttaaa1440 aaaaaaaaa

10

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:1163 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

```
ctcgggcaag tgcttcagcc tggtggagag tcggaagaga tgcacgggtc ctggaagaga 60
    cctcacactg atccccaggg tccaagcatc tcttccgact ctcgggcaag tgcttcagcc120
    tggtggagtc cacgtgagtg cagggtgggt gcgagggtgg gctggggcgc agctgcggac180
     ccccctcatg ccatctgtgt ccccaggtac aagtatgagt tctgcccgtt ccacaacgtg240
40
     acccagcacg agcagacett cegetggaac gectacagtg ggatectegg catetggcac300
     gagtgggaga tcgccaacaa caccttcacg ggcatgtgga tgagggacgg tgacgcctgc360
     cgttcccgga gccggcagag caaggtggag ctggcgtgtg gaaaaagcaa ccggctggcc420
     catgtgtccg agccgagcac ctgcgtctac gcgctgacgt tcgagacccc cctcgtctgc480
45
     caccccacg cettgetagt gtacccaace etgecagagg ceetgeageg geagtgggae540
     caggtagage aggaectgge egatgagetg atcacecee agggecatga gaagttgetg600
     aggacacttt ttgaggatgc tggctactta aagaccccag aagaaaatga acccacccag660.
     ctqqaqqqaq qtcctqacaq cttgqggttt gagaccctgg aaaactgcag gaaggctcat720
     aaagaactct caaaggagat caaaaggctg aaaggtttgc tcacccagca cggcatcccc780
     tacacgagge ccacagaaac ttecaacttg gageacttgg gecacgagae geccagagee840
50
     aagtctccag agcagctgcg gggtgaccca ggactgcgtg ggagtttgtg accttgtggt900
     gggagagcag aggtggacgc ggccgagagc cctacagaga agctggctgg taggacccgc960
     aggaaccage tgaccagget tgtgetcaga gaagcagaca aaacaaagat tcaaggtttt1020
```

aattaattcc catactgata aaaataactc catgaattcc tgtaaaccat tgcataaatg1080 tctatagtgt aaaaaaattt aaacaagtgt taactttaaa cagttcgtct acaagtaaat1140 gattataaat actaaaaaaa aaa

5

10

WO 99/46374

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 906 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

```
cqaqqaccqq cettgcqaqc qqcqacacta taaaatqqcq cqtqctqcaa cccqcqcccq 60
    cttcggagag agaaatgctg gggtgcagct tcaagcttag gaccacccac catgcctatc120
     caggtgctga agggcctgac catcactcat taagaacaga ggaggctgcc tgttactcct180
     ggtgttgcat ccctccagac actctgctgt ttcctgccta ggcgtggctg cagccatggc240
35
     taggaaagcg ctgccaccca cccacctggg ccagagctgg ttctgctcct gctgcaggga300
     cactgagetg getatetegg egetteggge aagaactgea acaggetete etgggteetg360
     caggtgtaca geegggeece tgeettgtge eteagetete gagagetget getgeegggt420
     gacctgatcc aacctgataa ggtgccatct tcagctacca ctgcaaggcc ctgagggcaa480
     cagcagcacg gcactgccca cccggctgct gatggcctgg tgccagctgg gagtcctccc540
40
     ggcacttcga ggccactgag ccacccttcc agccccagcc caccatggac aggggtatcc600
     agetteetee teaacetegt cetetgeece tgagecagtg acgeecaagg acatgeetgt660
     tacccaggtc ctgtacaagc actagctggt aaagggcatg acagtgctgg aggccgtctt720
     ggagatecag gecateactg geageagget getetecatg gtgecaggge cegecaggee780
45
     accaggetea tgetgggace caacceagtg cacaaggact tggetgetga gecacacace840
     caggagaagg tggataagtg ggctaccaag ggcttcctgc aggctagggg aggagccacc900
     ccgctt
```

- 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1222 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 15 **(C) ORGAN:**
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

tattagatat ggcagaaaaa ccatttccac tatgcaaagt tcttttagac gtcagtgaaa 60 atcaactctc atacctcatg gtctctcttt aattgaccaa aaccttccat ttttctctaa120 25 atacaaagcg atctgtgttc tgagcaacct ttccccgaac acacagcttc agtgcagcac180 gctgacctga gtatccacca tgtgccaggc acagtgctgg gcacacgagg caccaaggtc240 egggeeacet geeggagea aggeecaget gaggtggtgg agggageece tgaggteagg300 ggccgtttcg gttcagggtg gcaggtgtcc agcactgggg tatggcgtcg aggcttccat360 ggggtggggg aggccagctt ccttctgaca ggatgggcgc atacagtgcc tggtgtgatt420 30 tgtgcacaac ccgtgttcca ggtgcacatc ctcccaagga gacacccaga cccttccaqc480 acgggccggc caagttgctg cggcggaggc agcatttcag ctgtgaggaa ggtcattgga540 ttcatgtgtt ttatctgtaa aaatggttgt cttaacttct taacctcata ttggtaagtg600 attgataaaa attggttggt gtttcatgac atgtggactt cttttgaaat agcaagtcaa660 atgtagtgac caaattgtgg aagagatttc tgtcaaatag gaaatgtgta agttcgtcta720 35 aaagctgatg gttatgtaag ttgctcaggc actcagatga cagcagattc tqqqttctqq780 gagtgttctg tgcctcttac atgccctgga ggcctcatgg tctcagtgct gaggcggcac840 acctgtagca cacctgcgta atgtgcggtc tgggccagtc acaaggaatt gtgttgtcta900 agccaaaggg ggaagctgac tgtgatttac caaaaaaaat tctgtaattc aaaccaaaat960 gtctgcggaa tcaccagttt gatactctct gtaatcagaa cagtgggcag tgcctgggtg1020 40 aacgtgtcta gcagccactg tgcgggatcg ctgtaacagg agtggaatgt acatatttat1080 ttacttttct aactgctcca acagccaaat gcctttttta tgaccattgt attcagttca1140 ttaccaaaga aatgtttgca ctttgtaatg atgcctttca gttcaaataa atgggtcaca1200 ttttcaaatg gaaaaaaaaa aa

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 649 Basenpaare
- 50 (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:
- agatattatg gatggtgaag ggaatggtat agaattggag agattatctt actgaacacc 60
 tgtagtcca gctttctctg gaagtggtgg tatttgagca ggatgtgcac aaggcaattg120
 aaatgccat aattagttc tcagctttga atacactata aactcagtgg ctgaaggagg180
 aaattttaga aggaagctac taaaagatct aatttgaaaa actacaaaag cattaactaa240
 aaaagtttat tttccttttg tctgggcagt agtgaaaata actactcaca acattcacta300
 tgtttgcgag ggattaacac aaataaaaga tgcctttta cttaaacacc aagacagaga360
 tattgccaa tactgagaag caacttccac tagagaggga actgttaaat gttttcaacc420
 cagttcatct ggtggatgtt tttgcaggtt actctgagaa ttttgcttat gaaaaatcat480
 tattttagt gtagttcaca ataatgtatt gaacatactt ctaatcaaag gtgctatgtc540
 cttgtgtatg gtactaaatg tgtcctgtgt acttttgcac aactgagaat cctgcagctt600
 ggtttaatga gtgtgttcat gaaataaata atggaggaat tgtcaaaaa

30

35

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1226 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

cccaactcca cccagggatc ctggtgtacg ggctgacctg ttatgctttt ctgcccttcg 60 gccctttggg gagccacggc gggaggtgga gatccaccgg cgatatgtgg cccagtcggt120 ccagetettt attetetaet tetteaacet ggeogtgett teeaettaee tgeeccagga180 taccetcaaa etgeteeete tgeteaetgg tetetttgee gteteeegge tgatetaetg240 10 gctgaccttt gccgtgggcc gctccttccg aggcttcggc tacggcctga cgtttctgcc300 actgctgtcg atgctgatgt ggaacctcta ctacatgttc gtggtggagc cggagcgcat360 gctcactgcc accgagagcc gcctggacta cccggaccac gcccgctcgg cctccgacta420 caqqccccqc ccctggggct gagcctctcc gccctcgccc tcggagtagg gggtagcggc480 ttgggtctga cacatctttg aaccttgtgg ccaggcctgg acttcgcccc caggcctagg540 accgcggtgg gtggaaccct gctactgccc caacagggac tccaatcaat cggagttetc600 15 cccttgccgg agctgccctt cacctttggg gcccgagaca gtcataaggg atggacttag660 ttttcttqca gggaaaaagg tggacagccg tgtttcttaa ggatgctgag ggcatggggc720 caggaccagg ggagaggcac ageteettee tgageageet eteaceactg ecacaagget780 ccctaatgct ggtctctgct ccactccccg gcttcccgtg aggcaggagg cagagccaca840 20 gccaaggccc tgaccacttc tgtgccagtt gtctaagcag agcgcctcag ggacgctgga900 aatqccttaa qqataqaqqc tqqqcatcac atcaaatqqq actqtqqtqt ttqqtqaaaa960 ccttcctgag gatctggatt caggaccctc catgactggc ctatttactg tttacagctg1020 gccagtgcag agctgctgct cttttacctt tttaggcccc tgtaacttcc cacctttaaa1080 ctgcccagaa ggcatgcctc tcccacagga agaggggagc agacagggaa atctgcctac1140 25 caagaggggt gtgtgtgtct ttgtgcccac acgtggtggc tggggagtgc ctggatggtg1200 cggtggttga tgttaaccta gtgtgt

- 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1036 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
- 35 (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 45 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

```
aactgatatt gggaagtttg gttgaggttc aagtgtgact ccttccagag ccacaggtag 60
    gggagtgtga agttgagggg gaggaaagct ggaaggactc tgccttggga gattcccagc120
    tctqctttcc agcgcttggt ggaatctggg ctggggaaag acggcaccgg gaaactctgc180
    ctcgtgcccc tgcccagccc attcatggag ccctgggcct tcttggcttc catagatcct300
    aagctcttga ctgtagttta gccagacttg ttttgctatc ttataagcag ttcagaatta360
    gggaatgctg gttttgaaga gcaaaggaca ggtagtctag agagggtcgt ctggcctgct420
10
    tgctgggtct ttgtaaccca gcacttcctc ttgccctcct ggctttatgt ttatggggag480
    aggactcaat agctccaccc cttctggcac cagatggggc ttggttagtt tgcaataagc540
    accttgcaga ggttaaagcc agcgggtccc tagtcttagg cccagcctgc ttgtgtgggc600
    tctggcctgg cctggtggct ggcccagggg gcagcagtgc ttagagcttc tgcagggctt660
    ctcttqttta cacagetgca teagacaatg ccatttetee ccaceaegga acettecate720
15
    taagatttct tccagggaat gccagcaatc aggcagcacc cagctgtggg ggcagtgggg780
    tgggggagac ccacattgat gactttttt ttttctttta atgaagaaac accaaagaaa840
    gctgtggaaa ggacctgccc cacatgaaaa ggataagcca agatggctgt aaacacagag900
    catttgagct gccactcttg gagcacattg atttttcaaa agccagctct gtcaggaaag960
20
    qaqqtqctqt tatqaqcaqc tcttccaqtq ggcaaagagg acgcccataa tttcttccat1020
    tgctagctca tctgtg
```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 758 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 40 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:
- CGGCACGAGC TCCCATGGGA CCTAGGTTTC AGCGGCCGCT GCGATGACCA AAATAAAGGC 60
 AGATCCCGAC GGGCCCGAGG CTCAGGCGGA GGCGTGTTCC GGGGAGCGCA CCTACCAGGA120
 GCTGCTGGTC AACCAGAACC CCATCGCGCA GCCCTGGCTT CTCGCCGCCT CACGCGGAAG180
 CTCTACAAAT GCATCAAGAA AGCGGTGAAG CAGAAGCAGA TTCGGCGCGG GGTGAAAGAG240

30

35

GTTCAGAAAT TTGTCAACAA AGGAGAAAAA GGGATCATGG TTTTGGCAGG AGACACACTG300 CCCATTGAGG TATACTGCCA TCTCCCAGTC ATGTGTGAGG ACCGAAATTT GCCCTATGTC360 TATATCCCCT CTAAGACGGA CCTGGGTGCA GCCGCAGGTC CAAGCGCCCC ACCTGTGTGA420 TAATGGTCAA GCCCCATGAG GAGTACCAGG AGGCTTACGA TGAGTGCCTG GAGGAGGTGC480 AGTCCCTGCC CCTACCCCTA TGAGGGGCTC CGGTAGCACC TGGGCACCTG CCGCTGGAAG540 CTATTGGGCT GGCAGCAGGA CGACTGGCTG TCCTCCTGCC CACCCACACT GACGCATCT600 TCCCAGTTCC CCAAGGCACG CCTTCTTCCC AGGCAGCTCT AACAGCCCTT TCATGAAGGT660 AATGCTAGTC TTCTGTCCAT CAGTGCCATT TCCTGTAGAA CTAAAGGCTG TTCCAAGAAT720 GTGGGGTGGG GAAAGTAAAT GCTAAGACTA AAAAAAAA

10

15

30

35

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 25 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

MVVEVPRWSN AKMEIATKDP LNPIKQDVKK GKLRYVANLF PYKGYIWNYG AIPQTWEDPG 60 HNDKHTGCCG DNDPIDVCEI GSKVCARGEI IGVKVLGILA MIDEGETDWK VIAINVDDPD120 AANYNDINDV KRLKPGYLEA TVDWFRRYKV PDGKPENEFA FNAEFKDKDF AIDIIKSTHD180 HWKALVTKKT NGKGISCMNT TLSESPFKCD PDAARAIVDA LPPPCESACT VPTDVDKWFH240 HQKN

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 234 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 50 (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

5 MEYTLDLQLE ALTPQGGRRP LTRRVQLLRP LSRVEILPVP YVTEASRLT VLLPLAAAERD 60 LAPGFLEAFA TAALEPGDAA AALTLLLLYE PRQAQRVAHA DVFAPVKAH VAELERRFPGA120 RVPWLSVQTA APSPLRLMDL LSKKHPLDTL FLLAGPDTVL TPDFLNRCR MHAISGWQAFF180 PMHFQAFHPA VAPPQGPGPP ELGRDTGRFD RQAASEACFY NSDNGSPWA PGGS

10

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- 15 (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

30

25

RNLLHLPLAI VERQLRYCAE WTLLMAYPTS ILYSLYSDGP RIRLWNLPLP HMPLGS

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:
- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

40

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60:

VQGSSRSRLV SRAEFGSSGS SFEESQETMK RQLGRLLLLR RVLDPLLCDF LDSQDSGSLC 60 FCFRWLLIWF KREFPFPDVL RLWEVLWTGL PGPNLHLLVA CAILDMERDT LMLSGFGSNE120 ILKHINELTM

5

10

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

20

- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61:

25

35

HKYGYKLQVS AFLNGNGSGE GTHLSLYIRV LPGAFDNLLE WPFARRVTFS LLDQSDPGLA 60 KPQHVTETFH PDPNWKNFQK PGTWRGSLDE SSLGFGYPKF ISHQDIRKRN YVRDDAVFIR120 AAVELPRKIL S

- 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 40 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64:
- SPKVQNHRCP QAPKKGRANP RMTAQPAPSY RQQHSHPGGP RPSLGTVGPP NAETDITANT 60 50 HHLQGMQKPS SKISTKIN

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 314 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 15 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66:

VIFYLYNKVY LHGSFDFDS QQRHCTSASS RFGSSLPVPY VTEASRLTVL LPLAAAERDL 60
APGFLEAFAT AALEPGDAAA ALTLLLLYEP RQAQRVAHAD VFAPVKAHVA ELERRFPGAR120
VPWLSVQTAA PSPLRLMDLL SKKHPLDTLF LLAGPDTVLT PDFLNRCRMH AISGWQAFFP180
MHFQAFHPAV APPQGPGPPE LGRDTGRFDR QAASEACFYN SDYVAARGRL AAASEQEEEL240
LESLDVYELF LHFSSLHVLR AVEPALLQRY RAQTCSARLS EDLYHRCLQS VLEGLGSRTQ300
LAMLLFEQEQ GNST

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:
- 30

5

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
- 35 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67:

KQASLAAWRS KRPVSRPSSG GPGPCGGATA GWKAWKCMGK KACQPEMACM RQRFRKSGVS 60 TVSGPASRNS VSSGCFLESR SMRRSGEGAA VCTLSHGTRA PGKRRSSSAT WALTGAKTSA120 WATRWAWRGS YSSSRVRAAA ASPGSSAAVA KASKKPGARS RSAAARGSST VRREASVT

	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:
5	 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 20 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
15	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
20	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68:
	PPSSLSFGPH HPSSMVTAMG
25	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:
30	 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 21 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
35	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70:
45	LGETHEGTRP RRVAVHPGAW E
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:
£0	(i) SECUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 198 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71:

DGPSTGLVRC LGHANVGDLR LRLPAFPKPS PTYLRTSAEQ TLPLLLPHLH GLCLHQPLHL 60 GFTACLGSAH ILGGQPALPA VPEPYAGHCQ RPLAGTPHHS CHVGPANRGE GARPGWGGTR120 QPPGSRSLPP AAREGPQVQC SPPEFLPLPW AVLSLQSGLR PEQWALSRWP CPGNKEPLAW180 ALHANKCFFR NGKKKKKN

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:
- 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

30

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73:

NLVYFSFLWV VSVANKMDVS VFELVNSDCF

- 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
- 50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

20

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74:

15 NNHQVTLLQK RNLRMGLFSK REVSCVNNNN FIYLIWASPY LE

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75:

35

KIQKLQKPTV DIEEPIYTMG QQSSVRRLKR SVPCESNEAN EANEANKTMP ETPTGDSDPQ 60 PAPKKMKTSE SSTILVVRYR RNVKRTSPEE RVNDHARENR INPDQWRR

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
5	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76:	
10	GPACHFPAPE FKQKEECTIR GRSLIRMSIQ GTPGTSPTPS RPWWTTFRDM WKMGRTSCSW 6 PC	0
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:	
15	 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear 	
20	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
30	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO77:	
	SAQTRSCSCA ETRSSARPWW PPCAPSPSSC WRPWATATTT MASTRRAAAT PAASGWSRWR 6 PRASCCTASP CSRERQ	0
35	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:	ζ'
40	 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 36 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear 	
45	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
45	(iii) HYPOTHETISCH: ja	

(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

```
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78:
```

- 5 QDDLSRLRHR HDGGHRDVGC GPGQIPPHVL QPAGQG
 - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:
- 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 167 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79:
- GQLGPLLHGP PPPQGRQDQL LVAVRPGLHH WRAPGHLARH THLFQEQEVY RCGSHQAAEQ 60 ELILPDGVLH GGPEQHEGHP LLCQRHFPPV PVLPPPAPLR PDSGDTLEGL PLPPGLKQVL120 HNKLGWVLSM SCSRRKVQCP IPRQRPPPTP AVASLGPARG SAAAGPD
 - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:
- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

40

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80:

AECLNTCLAI RKLFLQPPFP NTPLKTFLFH SITQFHLSW TTALRQGFQP FVYYSFKPSQ 60 TCYYKQHSKI RNLIMALPVT NPPMVITFRT NLHSEKV

5

10

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 151 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 20 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

25

LRKIPHFRSP RHRSHLPAPR WVLAPAPVWQ GPGSVGARSR RRRHGVSTSL IRETPFTKAM 60 EVEAAEARSP APGYKRSGRR YKCLSCTKTF PNAPRAARHA ATHGPADCSE EVAEVKPKPE120 TEAKAEEASG EKVSRSDAKP RPLSVSAMPQ G

30

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

45

- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82
- 50 RLIDDPRWRP GISPRDLCAS FCASCVCGYL KGLEMCKNMS LLRHYIVILL FLVMLIISIS 60 ADVWPQMVKS AAFLISHLCI IRSFPPCRSS WSPSAAATQI SPLFF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 304 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

WLCQKHLKVA GPPPLPHLPL VLPPTPPPPW LPSLMTAWIL LPVSLSAFSI TGIWTVQPKA 60 VMNHHVCPVE NWSYNESCPP DPAEQGGPKT CCTLDDVPLI SKCGSYPPES CLFSLIGNMG120 AFMVALICLL RYGQLLEQSR HSWVNTTALI TGCTNAAGLL VGNFQVDHAR SLHYVGAGVA180 FPAGLLFVCL HCALSYQGAT APLDLAVAYL RSVLAVIAFI TLVLSGVFFV HESSQLQHGA240 ALCEWVCVID ILIFYGTFSY EFGAVSSDTL VAALQPTPGR ACKSSGSSST STHLNCAPES300 IAMI

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

30

35

25

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

MCKPCESFLL AKATLVWLVK PRAQPHGCFS SWHPQPQHST PQSMLDAFSK YL

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

15

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86
- 20 APATALGRGR EELRCMGVAG TALGRARPSL PSLCLPGRPS PASGCPGPAM SLARPGWQGP 60 APGRQDPAPG LPPAGSALGE ACPIPSRPEA SPDPFGPYPP GTLVPQPGSP GK
 - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

25

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 192 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja

35

30

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87
- MAQQVFMLDT QCSPKTPNNF DHAQSCQLII ELPPDEKPNG HTKKSVSFRE IVVSLLSHQV 60
 45 LLQNLYDILL EEFVKGPSPG EEKTIQVPEA KLAGFLRYIS MQNLAVIFDL LLDSYRTARE120
 FDTSPGLKCL LKKVSGIGGA ANLYRQSAMS FNIYFHALVC AVLTNQETIT AEQVKKVLFE180
 DDERSTDSSQ QC
- 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

PCPQTWQGSS PLPHQELPAP KLLVTSPKGP GSAA

20

25

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

40

TLPGGSSQWV CALGHGAHFW KSDWKWHLGG WLHFIRQAPVLGAEQAASEG GVGRTEKNRE 60 EGHGRSQGPL QKPRTVCLNP KSLRPQTSRY EKDTEAQRRQ

45

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

(B)	TYP: Protein
(C)	STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

NVEKVDSSPK RCLPPLFPPW VPPFFYWAVE GIGGEVTALS LTPWGHEEKL NSLMASQNNV 60 GSPKKKGVRI TTWLIRRGQD RAKARIPGWH PVTPSPILPP LLPQVRSRDT VVSQPQ

- 20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 321 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 30 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

45

50

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

TVSQGSPMAP APTPKGATHR VPTPKGATHR APTHKRATHR APTPKGATPR GHIPRAPSAP

40 NPYGQPQVFP GQDPDSPQHG NYQEEGPPSY YDNQDFPATN WDDKSIRQAF IRKVFLVLTL 120
QLSVTLSTVS VFTFVAEVKG FVRENVWTYY VSYAVFFISL IVLSCCGDFR RKHPWNLVAL 180
QSVLTASLSY MVGMIASFYN TEAVIMAVGI TTAVCFTVVI FSMQTRYDFT SCMGVLLVSM 240
VVLFIFAILC IFIRNRILEI VYASLGALLF TCFLAVDTQL LLGNKQLSLS PEEYVFAALN 300
LYTDIINIFL YILTIIGRAK E

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

	(C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95
15	YSDTSTLYFI RIGRQIFVQK PTDKYFERIS NIILDIMIIF SILRMKNWIL RFCFGVFLYK 60 FS
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:
20	(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STrang: einzel
25	(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97
40	MAARALCMLG LVLALLSSSS AEEYVGLSAN QCAVPAKDRV DCGYPHVTPK ECNNRGCCFD 60 SRIPGVPWCF KPLQEAECTF
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:
45	 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
50	

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

MSGFKNFKQS FTMSFFFTLK NINCYFTSTN QQDIIYGKKY SIEILCCNMG KCKCFSWFLS 60 M

15

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

_ _

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

35

MHYLFRITUP YPNLHLAIRI FNPGNRNNSV VSFFCKQLKE

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

	(VI) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
5	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103
	MARNIPLKYC AVTWESVNVF HGFYQCEIKF NSEKKKK
0	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:
5	(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
20	(iii) HYPOTHETISCH: ja
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104
30	MKIKQKITID SSSSTVVGFK RVQSKLYTMR R
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:
35	 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
40	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
45	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

MIAIFMSASK TNTKNNLTKV KISNKSTGR

5

10

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

25

35

MDVALMEHSN CSSEPGFWAH PPGAQAGTCV SQYANWLVVL LLVIFLLVAN ILLVNLLIAM 60 FSYTFGKVQG NSDLYWKAQV TASSGNSTLG PRWPRPLSSS PTCASCSGNC AGE

- 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 40 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107
- MPTGWWCCSS SSSCSWPTSC WSTCSLPCSV THSAKYRATA ISTGRRRLPP HPGIPLSARA 60 50 GPALYRHLPL APPAQAIVQA S

PCT/DE99/00721

	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:
5	 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
10	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
20	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108
	MAMSKLTSRM LATSRKMTRS STTSQLAYWE TQVPAWAPGG CAQKPGSDEQ LLCSMRATSM 60 SSWGICPKIC R
25	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:
30	 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
35	(iii) HYPOTHETISCH: ja
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109
45	MLRPQRSFDP TLLFSEGKMG PRSYRASSWC AGTPGLTQTP E
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

MNRDFIEKAR ENSYQPQGGL KVRLEEDLEE YESTLRFYLS CLFWVGKFNL SD

- 20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
- 25 (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 30 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

MNFVFFYSSN KVGTDLSTTN LPSHALPLTM LCSRSAPFWP VCFVKNLICF LLFLVIYI

40

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 296 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

```
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
```

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

LGQVLQPGGE SEEMHGSWKR PHTDPQGPSI SSDSRASASA WWSPRECRVG ARVGWGAAAD 60
PPHAICVPRY KYEFCPFHNV TQHEQTFRWN AYSGILGIWH EWEIANNTFT GMWMRDGDAC120
RSRSRQSKVE LACGKSNRLA HVSEPSTCVY ALTFETPLVC HPHALLVYPT LPEALQRQWD180
QVEQDLADEL ITPQGHEKLL RTLFEDAGYL KTPEENEPTQ LEGGPDSLGF ETLENCRKAH240
KELSKEIKRL KGLLTQHGIP YTRPTETSNL EHLGHETPRA KSPEQLRGDP GLRGSL

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

20

25

15

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113
- IFLHYRHLCN GLQEFMELFL SVWELIKTLN LCFVCFSEHK PGQLVPAGPT SQLLCRALGR 60
 VHLCSPTTRS QTPTQSWVTP QLLWRLGSGR LVAQVLQVGS FCGPRVGDAV LGEQTFQPFD120
 LL
 - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzel
- 50 (D) TOPOLOGIE: linear

	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
10	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114
15	QGVGVADEGG LERQRVDAGA RLGHMGQPVA FSTRQLHLAL PAPGTAGVTV PHPHAREGVV 60 GDLPLVPDAE DPTVGVPAEG LLVLGHVVER AELILVPGDT DGMRGVRSCA PAHPRTHPAL120 TWTPPG
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:
20	(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STrang: einzel
25	(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115
40	MARKALPPTH LGQSWFCSCC RDTELAISAL RARTATGSPG SCRCTAGPLP CASALESCCC 60 RVT
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:
45	(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii)	HYP	OTHET	TISCH:	ja
-------	------------	-------	--------	----

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

10
MTVLEAVLEI QAITGSRLLS MVPGPARPPG SCWDPTQCTR TWLLSHTPRR RWISGLPRAS 60
CRLGEE

- 15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
- 20 (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 25 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

MLGCSFKLRT THHAYPGAEG PDHHSLRTEE AACYSWCCIP PDTLLFPA

35

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

MSLGVTGSGA EDEVEEEAGY PCPWWAGAGR VAQWPRSAGR TPSWHQAISS RVGSAVLLLP 60 SGPCSG

10

15

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

30

25

MAAATPRQET AECLEGCNTR SNRQPPLFLM SDGQALQHLD RHGGWS

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

35

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzel
- 40 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

MVRPFSTWIG MVGGPKLEAA PQHFSLRSGR GLQHAPFYSV AARKAGP

5

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- 10 (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

20

- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121
- 25 MVGWGWKGGS VASKCREDSQ LAPGHQQPGG QCRAAVALRA LOW
 - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

30

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 158 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

35

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

IQSDLCSEQP FPEHTASVQH ADLSIHHVPG TVLGTRGTKV RATCPQQGPA EVVEGAPEVR 60 GRFGSGWQVS STGVWRRGFH GVGEASFLLT GWAHTVPGVI CAQPVFQVHI LPRRHPDPSS120 TGRPSCCGGG SISAVRKVIG FMCFICKNGC LNFLTSYW

IQSDLCSEQP FPEHTASVQH ADLSIHHVPG TVLGTRGTKV RATCPQQGPA EVVEGAPEVR 60 GRFGSGWQVS STGVWRRGFH GVGEASFLLT GWAHTVPGVI CAQPVFQVHI LPRRHPDPSS120 TGRPSCCGGG SISAVRKVIG FMCFICKNGC LNFLTSYW

5

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

10 (B) TYP: Protein

- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

20

- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123
- 25 MCQAQCWAHE APRSGPPARS KAQLRWWREP LRSGAVSVQG GRCPALGYGV EASMGWGRPA 60 SF
 - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

30

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzel
- 35 (D) TOPOLOGIE
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

MASRLPWGGG GQLPSDRMGA YSAWCDLCTT RVPGAHPPKE TPRPFQHGPA KLLRRRQHFS 60 CEEGHWIHVF YL

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

5

- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125
- 20 MNPMTFLTAE MLPPPQQLGR PVLEGSGCLL GRMCTWNTGC AQITPGTVCA HPVRRKLASP 60 TPWKPRRHTP VLDTCHPEPK RPLTSGAPST TSAGPCCGQV ARTLVPRVPS TVPGTWWILR120 SACCTEAVCS GKGCSEHRSL CI
- 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 26 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein

30

- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 35 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126
- MFSTQFIWWM FLQVTLRILL MKNHYF

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 50 (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

	(B) TYP: Protein (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127
15	MPFYLNTKTE NLPNTEKQLP LERELLNVFN PVHLVDVFAG YSENFAYEKS LFLV
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:
20	(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren (B) TYP: Protein
25	(C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128
	MGISIALCTS CSNTTTSRES WDYRCSVR
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:
45	 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

30

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129
- 10 MNTLIKPSCR ILSCAKVHRT HLVPYTRT
 - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:
 - (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 25 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

MLFCPSALWG ATAGGGDPPA ICGPVGPALY SLLLQPGRAF HLPAPGYPQT APSAHWSLCR 60 LPADLLADLC RGPLLPRLRL RPDVSATAVD ADVEPLLHVR GGAGAHAHCH REPPGLPGPR120 PLGLRLQAPP LGLSLSALAL GVGGSGLGLT HL

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 45 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

MTGLFTVYSW PVQSCCSFTF LGPCNFPPLN CPEGMPLPQE EGSRQGNLPT KRGVCVFVPT RGGWGVPGWC GG

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:
- 10 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 20 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

 MDLVFLQGKR WTAVFLKDAE GMGPGPGERH SSFLSSLSPL PQGSLMLVSA PLPGFP
 - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

30

5

- (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

 MPAIROHPAV GAVGWGRPTL MTFFFSFNEE TPKKAVERTC PT
- 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

. 5	(A) LANGE: 30 Aminosauren (B) TYP: Protein (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
10	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134
20	MAVNTEHLSC HSWSTLIFQK PALSGKEVLL
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:
25	(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135
40	MKRISQDGCK HRAFELPLLE HIDFSKASSV RKGGAVMSSS SSGQRGRP
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:
45	(A) LÄNGE: 116 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
50	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii)	HYP	OTH	HETI	SCH:	ja
-------	-----	-----	------	------	----

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

MLCVYSHLGL SFSCGAGPFH SFLWCFFIKR KKKSHQCGSP PPHCPHSWVL PDCWHSLEEI 60 LDGRFRGGEK WHCLMQLCKQ EKPCRSSKHC CPLGQPPGQA RAHTSRLGLR LGTRWL

- 15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:
 - (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzel
- 20 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja

25

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

MEAKKAQGSM NGLGRGTRPC LCLRSPHTTA DQMETMGKQS FPVPSFPSPD STKRWKAELG 60 ISQGRVLPAF LPLNFTLPYL WLWKESHLNL NQTSQYQ

35

40

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:
 - (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

- 5 RHELPWDLGF SGRCDDQNKG RSRRARGSGG GVFRGAHLPG AAGQPEPHRA ALASRRLTRK 60 LYKCIKKAVK QKQIRRGVKE VQKFVNKGEK GIMVLAGDTL PIEVYCHLPV MCEDRNLPYV120 YIPSKTDLGA AAGPSAPPV
- 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:
 - (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzel
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139
- WSSPMRSTRR LTMSAWRRCS PCPYPYEGLR

30

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:
 - (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- 35 (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

50

45

HLGTCRWKLL GWQQDDWLSS CPPTLTASSQ FPKARLLPRQ L

	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:
5	(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
10	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141
20	QPFHEGNASL LSISAISCRT KGCSKNVGWG K
25	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:
23	(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1663 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel
30	(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
35	(iii) HYPOTHETISCH: NEIN
	(iii) ANTI-SENSE: NEIN
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:
	(vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142:

	GGTGGGTGGA	GCCAGGCTTG	GCGGGCTGTG	CGTGCTCGCG	GTGGGCGGTG	GCGGCGGCTG 60
	CCTCGCGAAG	GTTCGAGATC	CGTCGCGTGC	GGGAGGCGGG	CCGCGATCTT	GCGCAGGGTC120
	GGTGTGGGCG	CAGGCTGCAG	CGCCGCGACT	CGTGCGGGTA	GGCGTCTGCG	CTCGGTTTGA180
	GGGCTCGGCG	CGGGGTTTCC	TGTTCCTTCT	TCTGCGCGGC	TGCAGCTCGG	GACTTCGGCC240
5	TGACCCAGCC	CCCATGGCTT	CAGAAGAGCT	ACAGAAAGAT	CTAGAAGAGG	TAAAGGTGTT300
	GCTGGAAAAG	GCTACTAGGA	AAAGAGTACG	TGATGCCCTT	ACAGCTGAAA	AATCCAAGAT360
	TGAGACAGAA	ATCAAGAACA	AGATGCAACA	GAAATCACAG	AAGAAAGCAG	AACTTCTTGA420
	TAATGAAAAA	CCAGCTGCTG	TGGTTGCTCC	CATTACAACG	GGCTATACGG	TGAAAATCAG480
	TAATTATGGA	TGGGATCAGT	CAGATAAGTT	TGTGAAAATC	TACATTACCT	TAACTGGAGT540
10	TCATCAAGTT	CCCACTGAGA	ATGTGCAGGT	GCATTTCACA	GAGAGGTCAT	TTGATCTTTT600
	GGTAAAGAAT	CTAAATGGGA	AGAGTTACTC	CATGATTGTG	AACAATCTCT	TGAAACCCAT660
	CTCTGTGGAA	GGCAGTTCAA	AAAAAGTCAA	GACTGATACA	GTTCTTATAT	TGTGTAGAAA720
	GAAAGTGGAA	AACACAAGGT	GGGATTACCT	GACCCAGGTT	GAAAAGGAGT	GCAAAGAAAA780
	AGAGAAGCCC	TCCTATGACA	CTGAAACAGA	TCCTAGTGAG	GGATTGATGA	ATGTTCTAAA840
15	GAAAATTTAT	GAAGATGGAG	ACGATGATAT	GAAGCGAACC	ATTAATAAAG	CCTGGGTGGA900
	ATCAAGAGAG	AAGCAAGCCA	AAGGAGACAC	GGAATTTTGA	GACTTTAAAG	TCGTTTTGGG960
	AACTGTGATG	TGATGTGGAA	ATACTGATGT	TTCCAGTAAG	GGAATATTGG	TGAGCTGCAT1020
	ATATAAATTT	GACAGATAGC	TATTTACATA	GCCTTCTAAG	TAAAGGCAAT	GAATTCTCCA1080
	TTTCCTACTG	GAGGATTTAT	TTAAATAAAA	TATGCTTATT	AAACACTCCT	GCAAAGATGG1140
20	TTTTATTAGT	ACCCTGGTCA	TTTTGTTCAA	GGAAGGGTTA	TATTGCATTC	TCACGTGAAA1200
	TATAAAAAGC	AAGTCTTGCC	CAATAAAAAC	GCTACATTGT	GTGTATTTTT	TGTTCAGCTA1260
	AGAATTGGAA	AAGTATTTGC	TTGCCTTTTA	AGTTACTGAC	ATCAGCTTCC	ACCAGTGTAA1320
	AAATTGAGTA	AAACCTGAAG	TTTTGCATAA	AATGCAAATC	GGTGCCTGTG	CTTGAAGGTT1380
	GCTGTAGAGC	ATCTGACCCC	TTATTACCAC	CTTAAGCAAT	GTATATGCCA	TGCATTACCA1440
25	TGCACTAATT	CAATCACAGG	TGTTTCTATC	TAGATTTAAA	TATATTTGTC	AATGAATGTG1500
	GAATAGAAAA	TCTAAACATG	ACAATAATAG	ACATATCTTT	GTATGGTACC	AGTTAGTTTT1560
	GCCGTGGATC	AGATGGTTTA	TAAAAGTAAT	AACCATAAAG	CAAAAAATAA	TTTGAAAGCC1620
	CGTCTATTCC	TATGCTCAAT	AAAGTTAAGT	TTTTCTTCAT	TAA	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

(A) LÄNGE: 312 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

50

45

VGGARLGGLC VLAVGGGGGC LAKVRDPSRA GGGPRSCAGS VWAQAAAPRL VRVGVCARFE 60 GSARGFLFLL LRGCSSGLRP DPAPMASEEL QKDLEEVKVL LEKATRKRVR DALTAEKSKI120 ETEIKNKMQQ KSQKKAELLD NEKPAAVVAP ITTGYTVKIS NYGWDQSDKF VKIYITLTGV180 HQVPTENVQV HFTERSFDLL VKNLNGKSYS MIVNNLLKPI SVEGSSKKVK TDTVLILCRK240 KVENTRWDYL TQVEKECKEK EKPSYDTETD PSEGLMNVLK KIYEDGDDDM KRTINKAWVE300 SREKQAKGDT EF

5

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:2105 Basenpaare

10

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144:

	CAGGACTTCA	TCGGCGGAGA	GCCCACCCC	GGCCGCTACT	GCCACGGAGG	CTTTGGGGTG	60
	CTGCTGTCGC	GCATGCTGCT	GCAACAACTG	CGCCCCCACC	TGGAAGGCTG	CCGCAACGAC	120
	ATCGTCAGTG	CGCGCCCTGA	CGAGTGGCTG	GGTCGCTGCA	TTCTCGATGC	CACCGGGGTG	180
35	GGCTGCACTG	GTGACCACGA	GGGGGTGCAC	TATAGCCATC	TGGAGCTGAG	CCCTGGGGAG	240
	CCAGTGCAGG	AGGGGGACCC	TCATTTCCGA	AGTGCCCTGA	CAGCCCACCC	TGTGCGTGAC	300
	CCTGTGCACA	TGTACCAGCT	GCACAAAGCT	TTCGCCCGAG	CTGAACTGGA	ACGCACGTAC	360
	CAGGAGATCC	AGGAGTTACA	GTGGGAGATC	CAGAATACCA	GCCATCTGGC	CGTTGATGGG	420
	GACCGGGCAG	CTGCTTGGCC	CGTGGGTATT	CCAGCACCAT	CCCGCCCGGC	CTCCCGCTTT	480
40	GAGGTGCTGC	GCTGGGACTA	CTTCACGGAG	CAGCATGCTT	TCTCCTGCGC	CGATGGCTCA	540
	CCCCGCTGCC	CACTGCGTGG	GGCTGACCGG	GCTGATGTGG	CCGATGTTCT	GGGGACAGCT	600
	CTAGAGGAGC	TGAACCGCCG	CTACCACCCG	GCCTTGCGGC	TCCAGAAGCA	GCAGCTGGTG	660
	AATGGCTACC	GACGCTTTGA	TCCGGCCCGG	GGTATGGAAT	ACACGCTGGA	CTTGCAGCTG	720
	GAGGCACTGA	CCCCCAGGG	AGGCCGCCGG	CCCCTCACTC	GCCGAGTGCA	GCTGCTCCGG	780
45	CCGCTGAGCC	GCGTGGAGAT	CTTGCCTGTG	CCCTATGTCA	CTGAGGCCTC	ACGTCTCACT	840
	GTGCTGCTGC	CTCTAGCTGC	GGCTGAGCGT	GACCTGGCCC	CTGGCTTCTT	GGAGGCCTTT	900
	GCCACTGCAG	CACTGGAGCC	TGGTGATGCT	GCGGCAGCCC	TGACCCTGCT	GCTACTGTAT	960
	GAGCCGCGCC	AGGCCCAGCG	CGTGGCCCAT	GCAGATGTCT	TCGCACCTGT	CAAGGCCCATI	1020
	GTGGCAGAGC	TGGAGCGGCG	TTTCCCCGGT	GCCCGGGTGC	CATGGCTCAG	TGTGCAGACA1	1080
50	GCCGCACCCT	CACCACTACG	CCTCATGGAT	CTACTCTCCA	AGAAGCACCC	GCTGGACACAI	1140
	CTGTTCCTGC	TGGCCGGGCC	AGACACGGTG	CTCACGCCTG	ACTTCCTGAA	CCGCTGCCGC1	1200
	ATGCATGCCA	TCTCCGGCTG	GCAGGCCTTC	TTTCCCATGC	ATTTCCAAGC	CTTCCACCCA	1260
	GCTGTGGCCC	CACCACAAGG	GCCTGGGCCC	CCAGAGCTGG	GCCGTGACAC	TGGCCGCTTT	1320

	CATCCCCACC	CACCCACCGA	GGCCTGCTTC	TACAACTCCG	ACTACGTGGC	AGCCCGTGGG1380
						TGTGTACGAG1440
						GCTGCTGCAG1500
	CGCTACCGGG	CCCAGACGTG	CAGCGCGAGG	CTCAGTGAGG	ACCTGTACCA	CCGCTGCCTC1560
5	CAGAGCGTGC	TTGAGGGCCT	CGGCTCCCGA	ACCCAGCTGG	CCATGCTACT	CTTTGAACAG1620
	GAGCAGGGCA	ACAGCACCTG	ACCCCACCCT	GTCCCCGTGG	GCCGTGGCAT	GGCCACACCC1680
	CACCCCACTT	CTCCCCCAAA	ACCAGAGCCA	CCTGCCAGCC	TCGCTGGGCA	GGGCTGGCCG1740
	TAGCCAGACC	CCAAGCTGGC	CCACTGGTCC	CCTCTCTGGC	TCTGTGGGTC	CCTGGGCTCT1800
	GGACAAGCAC	TGGGGGACGT	GCCCCCAGAG	CCACCCACTT	CTCATCCCAA	ACCCAGTTTC1860
10						AGTACAGTCT1920
	GCCTGACGCC	AGCCCTGCCT	CTGGGCCCTG	GGGGCTGGGC	TGTAGAAGAG	TTGTTGGGGA1980
	AGGAGGGAGC	TGAGGAGGGG	GCATCTCCCA	ACTTCTCCCT	TTTGGACCCT	GCCGAAGCTC2040
	CCTGCCTTTA	ATAAACTGGC	CAAGTGTGGA	AAAAAAAAA	AAAAAAAAA	AAAAAAAAAA2100
	AAAAA					2105
15						

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1125 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145:

```
CGGGCGCCC ACCCAGATC TCCTGCACGT TGTGGGGCCC TCGGCGCACG CGGTTAGCTG 60
GCGTGCAGG GCCTCGGCGC GGGTCAGCAC GTCCTCCACG CTCAGCTTCA TAGTCAGCTC 120
GTTGATGTGC TTGAGGATCT CATTGGAGCC GAAGCCGGAC AGCATGAGGG TGTCCCTCTC 180
CATGTCCAGG ATGGCGCAGG CCACCAGCAG GTGCAGATTG GGGCCAGGGA GCCCTGTCCA 240
CAGCACCTCC CACAGCCGAA GGACATCCGG GAAGGGGAAT TCCCTCTTGA ACCAGATGAG 300
CAGCCACCGG AAACAGAAGC AGAGAGAGCC GGAGTCCTGG GAATCCAGGA AGTCGCAGAG 360
CAGGGGGTCC AGCACCCTCC GGAGCAGCAG CAGTCGCCCG AGTTGCCGCT TCATGGTCTC 420
CTGGCTCTCT TCAAAGCTCG AGCCGCTCGA GCCGAATTCG GCTCGAGAAA CCAGCCTGCT 480
TCTAATCCGG GGGCCATCAG AGTAGAGGGA GTAGAGAATG GATGTTGGGT AGGCCATCAA 600
TAAGGTCCAT TCTGCGCAGT ATCTCAACTG CCGTTCAACA ATCGCAAGAG GAAGGTGGAG 660
CAGGTTTCTT CATCTTACAG TTGAGAAAAC AGAGACTCAG AAGGGCTTCT TAGTTCATCT 720
TTCCCTTAGC GCCTCAGTGA TTTTTTCATG GTGGCTTAGG CCAAAAGAAA TATCTAACCA 780
```

TTCAATTTAT	AAATAATTAG	GTCCCCAACG	AATTAAATAT	TATGTCCTAC	CAACTTATTA	840
GCTGCTTGAA	AAATATAATA	CACATAAATA	AAAAAATATA	TTTTTCAGTT	CTATTTCAGT	900
GTTAATGAGA	ACTACTTACT	AAGGAGATGT	ATGCACCTAT	TGGGACAGTG	TGCAAGTTCT	960
TCAGCTGGGA	TTGAGGGTGG	GCAATGCTGC	CCCTCAATTT	CTGCTTCCAG	GTGGGTGGTT1	020
CCATATGGTA	CTTGAGTTTT	TATCAGAGGG	CCTGGGAAAA	CCCCAGTCTC	ACAAAAATAT1	080
TGAAATTATC	AGAAGGGTTA	TAGTGGCAAT	CTTATGTTGA	AAGGA	1	.125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1490 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

15

5

10

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

25

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146:

	TCGGCACTGG	GGGGCAGGGG	TCGATCGGCT	CAACTATGAA	GATCACTGCT	TCAGCGGGCA	60
	CGCCACCATG	CACGCCGAGA	ACCTGTGGCC	GGGGCGGCTG	TCCTCCGTCC	AGCAGATCCT	120
35	GCAGCTCTCT	GACCTGTGGA	GGCTGACCCT	CCAGAAGCGT	GGCTGCAAGG	GGCTGGTGAA	180
	GGTGGGTGCC	CCAGGCATCC	TGCAGGGGAT	GGTGCTCAGC	TTTGGGGGGC	TGCAGTTCAC	240
	AGAGAACCAC	CTCCAGTTCC	AGGCCGACCC	CGACGTGCTG	CACAACAGCT	ATGCATTGCA	300
	TGGCATCCGC	TACAAGAACG	ACCATATCAA	CCTGGCCGTG	CTGGCGGATG	CCGAGGGCAA	360
	GCCCTACCTA	CACGTGTCCG	TGGAGTCCCG	TGGCÇAGCCT	GTCAAGATCT	ATGCCTGCAA	420
40	GGCAGGCTGC	CTGGACGAGC	CAGTGGAGCT	GACCTCGGCG	CCCACGGGCC	ACACCTTCTC	480
	GGTCATGGTG	ACACAGCCCA	TCACGCCACT	GCTCTACATC	TCCACCGACC	TCACACACCT	540
	GCAGGACCTG	CGGCACACGC	TGCACCTCAA	GGCCATCCTG	GCCCATGATG	AGCACATGGC	600
	CCAGCAGGAC	CCCGGGCTGC	CCTTCCTCTT	CTGGTTCAGC	GTGGCCTCCC	TAATCACCCT	660
	CTTCCACCTC	TTCCTCTTCA	AGCTCATCTA	CAACGAGTAC	TGTGGGCCTG	GAGCCAAGCC	720
45	CCTCTTCAGG	AGTAAGGAAG	ATCCCAGTGT	CTGAGTGAAC	TAACAGTCCT	GCTTTCAGCC	780
	ACCATTTGCA	CAAGACACCC	AGCACTGAAA	GTCCCGCTGC	CAGGAGCAAG	GGATCCTTTG	840
	GAAGCACCCG	CCCTTTGTGC	CTTGTTGGGG	GAAACCGGTG	ACGCAGAAGT	GAGTGTGGAT	900
	ACACCAGAGT	TTGCATTGGA	AGGAATGAGT	GTCACGTGGG	GAGGGAAGGG	GCCAGTGGAC	960
	CTTTTGTAAG	CTTTCCACTC	AATAAAATGA	ACCTGTATGG	CAAATACTTG	AAATGGAACT1	1020
50	CACTCCTTCC	ACTTTCCCCC	TTTCTTCTGT	CCCAGGAAAT	AGATCATCTT	TTGAAAAGAC	1080
	TCTTGTCTAG	GAAAAGTTGT	GTCCTTTTCC	TAATTTAACG	TGTTCTTTCT	TAATGAAGTT	1140
	TTAATTTATT	TTTGTTGAGA	TTTTGCTAGA	TGGCTTTTGC	ATCCCCTGTA	GATGGTGAGT	1200
	GTTGGCGGTG	ATGTCCGTCT	CGGCGTTCGG	AGGCCCCACG	GTCCCGAGGC	TGGGCCGGGG	1260

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:1692 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 20

30

5

10

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147:

TTTTTTTTT TACTAGAAGT TATTTATGTT TAATGCTTAA AAGTCTGAAT TCACAAACAA TCTACCATTA TAGAAGTACT GGTGGTCAAT ACAATGCATT AGAACTATGT ACAACGCACA 120 GTTTAGTATC AAAATCTTTC TACACTGTAG AGTTTTACGA AACTGTTAAT GACATCAAAC ACTAAGCACT TAAGACACCA TTTTTTTCTG CTACCACATT AGGAACGTCA ATGGACAGTC 35 CATTTCAACT TGCAGCATCC ATCCATTTCT AGTATGAAAT TAAGTAATTT TCTACTTATA CAATAAAGTA TATCTACACG GTTCTTTTGA TTTTGATCCA TCGCAGCAAC GGCACTGTAC ATCAGCCTCG AGCCGATTCG GCTCGAGCTT GCCTGTGCCC TATGTCACTG AGGCCTCACG 420 TCTCACTGTG CTGCTGCCTC TAGCTGCGGC TGAGCGTGAC CTGGCCCCTG GCTTCTTGGA 480 40 GGCCTTTGCC ACTGCAGCAC TGGAGCCTGG TGATGCTGCG GCAGCCCTGA CCCTGCTGCT 540 ACTGTATGAG CCGCGCCAGG CCCAGCGCGT GGCCCATGCA GATGTCTTCG CACCTGTCAA 600 GGCCCATGTG GCAGAGCTGG AGCGGCGTTT CCCCGGTGCC CGGGTGCCAT GGCTCAGTGT 660 GCAGACAGCC GCACCCTCAC CACTACGCCT CATGGATCTA CTCTCCAAGA AGCACCCGCT GGACACACTG TTCCTGCTGG CCGGGCCAGA CACGGTGCTC ACGCCTGACT TCCTGAACCG 45 CTGCCGCATG CATGCCATCT CCGGCTGGCA GGCCTTCTTT CCCATGCATT TCCAAGCCTT 840 CCACCCAGCT GTGGCCCCAC CACAAGGGCC TGGGCCCCCA GAGCTGGGCC GTGACACTGG 900 CCGCTTTGAT CGCCAGGCAG CCAGCGAGGC CTGCTTCTAC AACTCCGACT ACGTGGCAGC 960 CCGTGGCCC CTGGCGCAG CCTCAGAACA AGAAGAGGAG CTGCTGGAGA GCCTGGATGT1020 GTACGAGCTG TTCCTCCACT TCTCCAGTCT GCATGTGCTG CGGGCGGTGG AGCCGGCGCT1080 50 GCTGCAGCGC TACCGGGCCC AGACGTGCAG CGCGAGGCTC AGTGAGGACC TGTACCACCG1140 CTGCCTCCAG AGCGTGCTTG AGGGCCTCGG CTCCCGAACC CAGCTGGCCA TGCTACTCTT1200 TGAACAGGAG CAGGGCAACA GCACCTGACC CCACCCTGTC CCCGTGGGCC GTGGCATGGC1260 CACACCCCAC CCCACTTCTC CCCCAAAACC AGAGCCACCT GCCAGCCTCG CTGGGCAGGG1320

CTGGCCGTAG	CCAGACCCCA	AGCTGGCCCA	CTGGTCCCCT	CTCTGGCTCT	GTGGGTCCCT1380
GGGCTCTGGA	CAAGCACTGG	GGGACGTGCC	CCCAGAGCCA	CCCACTTCTC	ATCCCAAACC1440
CAGTTTCCCT	GCCCCTGAC	GCTGCTGATT	CGGGCTGTGG	CCTCCACGTA	TTTATGCAGT1500
ACAGTCTGCC	TGACGCCAGC	CCTGCCTCTG	GGCCCTGGGG	GCTGGGCTGT	AGAAGAGTTG1560
TTGGGGAAGG	AGGGAGCTGA	GGAGGGGGCA	TCTCCCAACT	TCTCCCTTTT	GGACCCTGCC1620
GAAGCTCCCT	GCCTTTAATA	AACTGGCCAA	GTGTGGAAAA	AAAAAAAAA	AAAAAAAAAAA1680
AAAAAAAAA	AA				1692

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

10

15

5

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:866 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148:

35	CTACGACCCG	ATTGGCTTCG	GGCTCAGCTG	GGAGGCGGGA	CGAATTATTG	GTTGGGGGAA 60
	ACCCACGAGG	GGACGCGGCC	GAGGAGGGTC	GCTGTCCACC	CGGGGGCGTG	GGAGTGAGGT120
	ACCAGATTCA	GCCCATTTGG	CCCCGACGCC	TCTGTTCTCG	GAATCCGGGT	GCTGCGGATT180
	GAGGTCCCGG	TTCCTAACGG	ACTGCAAGAT	GGAGGAAGGC	GGGAACCTAG	GAGGCCTGAT240
	TAAGATGGTC	CATCTACTGG	TCTTGTCAGG	TGCCTGGGGC	ATGCAAATGT	GGGTGACCTT300
40	CGTCTCAGGC	TTCCTGCTTT	TCCGAAGCCT	TCCCCGACAT	ACCTTCGGAC	TAGTGCAGAG360
	CAAACTCTTC	CCCTTCTACT	TCCACATCTC	CATGGGCTGT	GCCTTCATCA	ACCTCTGCAT420
	CTTGGCTTCA	CAGCATGCTT	GGGCTCAGCT	CACATTCTGG	GAGGCCAGCC	AGCTTTACCT480
	GCTGTTCCTG	AGCCTTACGC	TGGCCACTGT	CAACGCCCGC	TGGCTGGAAC	CCCGCACCAC540
	AGCTGCCATG	TGGGCCCTGC	AAACCGTGGA	GAAGGAGCGA	GGCCTGGGTG	GGGAGGTACC600
45	AGGCAGCCAC	CAGGGTCCCG	ATCCCTACCG	CCAGCTGCGA	GAGAAGGACC	CCAAGTACAG660
	TGCTCTCCGC	CAGAATTTCT	TCCGCTACCA	TGGGCTGTCC	TCTCTTTGCA	ATCTGGGCTG720
	CGTCCTGAGC	AATGGGCTCT	GTCTCGCTGG	CCTTGCCCTG	GAAATAAGGA	GCCTCTAGCA780
	TGGGCCCTGC	ATGCTAATAA	ATGCTTCTTC	AGAAAAAAA	AAAAAAAAA	AAGGGGAGAA840
	AGAAAAAGGA	AAAGGCGAGA	GGAGCG		*	866

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:992 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149:

	ATTTCTACTT	CTCTCCAAGC	GTCCAATTTA	TAATAACATG	TGCATCTTGT	TTTCCCTGCC 60
	AAACTAAATT	TCGTGAGGGG	GTACATACTG	CACAGTTTTT	TTTGTCACAT	ACTGCTTATG120
	ACACATGAAT	ATGCAGAGCT	TGTCAAGCTC	TTTAATTAAG	TTTAAAATGC	TAATTGAGTG180
30	AATCAAAACT	TAACCATTAT	GGTTAGGCTA	AAAATGTCAG	CTTGTGTTTA	TATAGTGCTT240
	ACCTCAGTAT	TGGAAATGCC	ATGAGTTTAG	TATCAGAAGG	ACATTATTAC	TAGTGCATTT300
	TAAAGTGATA	CCAGTCATAG	TTGCAAAAGA	AAGTACACAA	TGGGAAATGG	AAGAGAAATG360
	TAGGGAATCA	AAACAACTAG	TTTTTTCCTT	TATAACGGAA	GTTTTATAAT	TCATCTTTTA420
	TGTAAGTGTA	ATTCTCATTA	AAAATACCCT	AAAGCTTAAA	GTTTGCAAGG	CTGCCCAGCC480
35	TAACCCACAA	CAGTTTGATG	CTGCCCCCTA	GCGTTTGATT	CCCTTCACCT	TTTGCTAAAA540
	TAAGGTAATG	TTTAAATTAC	AATTAGATTT	ACTTACTGCT	GTAAATCTGG	TCTATTTTAG600
	TTTCCTCTGG	GTAGTTAGTG	TTGCTAATAA	GATGGACGTA	AGTGTTTTTG	AACTGGTGAA660
	TTCTGATTGC	TTTTAGCCCC	CAGTTTTCCA	AATAGGGGTG	AATTCTGGGT	AGAGATAGAA720
	CAATCACCAA	GTTACCTTGC	TCCAAAAAAG	AAATTTACGT	ATGGGATTGT	TTTCAAAGCG780
40	GGAAGTTAGC	TGTGTAAATA	ACAACAATTT	TATATATTTA	ATCTGGGCTT	CTCCTTATCT840
	TGAATGATAT	AAAAATCTAC	TTTCTAGATT	AATTTAGTTC	CATATAACTT	TGTATTGCTT900
•	TGACTGTACT	GATAATAAAG	TTTGAAAGTG	TTAAATTTAA	AAAAGAAAAA	AAGAGGCAAA960
	AGGAAAGACA	AGAAAGGGAC	CCGGGAGGGA	TC		992

- 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:1640 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
- 50 (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

PCT/DE99/00721

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150:

GGTCCGGGGC GGAAAGTGGG TCAGGGCCGG GCCGGCGGAC GCGCAGGGG GGCTGCAGAT TCTTTCCACC ATGGCCAGAC GCCCCCGGAA CAGCAGGGCC TGGCACTTCG TCCTGAGTGC 20 AGCCCGCCGA GACGCAGATG CCCGGGCCGT GGCTCTAGCA GGCTCCACTA ACTGGGGCTA 180 CGACTCTGAT GGGCAGCACA GCGACTCGGA CTCCGACCCC GAGTACTCCA CGCTGCCGCC 240 ATCCATCCCC AGTGCGGTGC CCGTGACCGG CGAGTCCTTC TGTGACTGTG CTGGGCAGAG 300 CGAGGCCTCC TTCTGTAGCA GCCTGCACTC GGCCCACCGG GGCAGGGACT GCCGCTGCGG 360 25 AGAGGAAGAC GAGTGTGAGC GTGGGGCCCA GCCCCTGCTG GGACTGCACT GCGGGCGGGC 420 CTGGGGGTGG GCAGGGCAGA GCCCCATGGA GCTCTCAGGG CTGCCCCAGC CTGGGCCTCT 480 CTTGCAGATT TCGACTGGGT CTGGGATGAC TTAAATAAGT CATCAGCCAC CCTGCTGAGC 540 TGTGACAACC GTAAGGTCAG CTTCCACATG GAGTACAGCT GCGGCACAGC GGCCATCCGG 600 GGCACCAAGG AGCTGGGGGA GGGCCAGCAC TTCTGGGAGA TCAAGATGAC CTCTCCCGTC 660 TACGGCACCG ACATGATGGT GGGCATCGGG ACGTCGGATG TGGACCTGGA CAAATACCGC 30 CACACGTTCT GCAGCCTGCT GGGCAGGGAT GAGGACAGCT GGGGCCTCTC CTACACGGGC CTCCTCCACC ACAAGGGCGA CAAGACCAGC TTCTCGTCGC GGTTCGGCCA GGGCTCCATC ATTGGCGTGC ACCTGGACAC CTGGCACGGC ACACTCACCT TTTTCAAGAA CAGGAAGTGT 900 ATAGGTGTGG CAGCCACCAA GCTGCAGAAC AAGAGATTCT ACCCGATGGT GTGCTCCACG 960 35 GCGGCCCGGA GCAGCATGAA GGTCACCCGC TCCTGTGCCA GCGCCACTTC CCTCCAGTAC1020 CTGTGCTGCC ACCGCCTGCG CCAGTGCGGC CAGACTCGGG AGACACGCTG GAGGGTCTGC1080 CGCTGCCGCC GGGCCTCAAG CAGGTGCTAC ACAACAAGCT GGGCTGGGTC CTGAGCATGA1140 GTTGCAGCCG CCGCAAGGTC CAGTGTCCGA TCCCCAGGCA GCGACCTCCG CCCACCCCAG1200 CAGTCGCGAG CCTCGGCCCT GCCAGAGGAA GCGCTGCCGC CGGACCTGAC TGACTTCCCA1260 GTGGAACTGC CTTCTTGGGC TGGGACAGCC CTTTCCTCTG TCCCTTCTTT CTCTGTCCCT1320 40 TCCTTCCAGC CACACTCCAG GGCGGAGTTG GATGAGGCCC GTCCGGAGGG AGCCATCTCT1380 TGCTCCCGAG GCTGGGACAG TCCTTTCTGT GGGGGCTCTA GGGCCCCTCT GCTGCTGTGC1440 TGGGTGGGA AGCGGCTGCC CTGAGCCCCA GGTCTTGTGG GAGGCTGCGA GGACGAGAGC1500 CTGGCTGGAG CCCGCGTTGC TGTTCCCACA GGGCCTCGGT TTTTCCTAAC TTGCTCTGCA1560 45 TGCTGTCAGC GGCTGCCCG CCGTCATAGA CTTAAAGGAC TGCAATAAAT GTAGAGTTGA1620 TGTCTAACAC CCAAAAAAA 1640

- 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:974 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKULTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung 5 hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151:

20 GCACGCTATG CTAGCCACAC TTCCGGCAAG AGCAGCTAGA ATCGTTCCGG TGCATATTGA 60 ATAGGCGCAG AAAGGGAGAA AAAGATTCTA CAGCCCTGGC CACAGTACTT TGGTGACACT120 TTTCGTGGGG CTCTCTGGAG GACTTTTCCC AAGGCAGATG GAGAAAACTT CGTGAAACCC180 ACTCCTTGCT ATTAAAGGAA ATGTTGTGGA ATATAATTGG ACTTAGGTTT TGCAGAGCTT240 GAGCATGGCC TTTTTGTCCT CCCACCTTCT GGTTCTTGAA GACATTGCCG GTGACCTGGC300 25 CCCAGACTAA CACAAGGCGG GCGTATACCG TCAGCCTGCC TGGCGTCCCC TTGCCTCAGC360 ACACACAGAG ACCTCTTGCA AGATGCTTCT CTGCCGCCAT AGGCTGGAGG TTCCCCGGGA420 ACTTTTCCCT TCCTTCCTAG CTGAGGAAGA TCCCTCACTT CCGCTCGCCG CGCCACCGGT480 CCCACCTCCC CGCCCCCGC TGGGTCCTAG CGCCGGCCCC TGTTTGGCAG GGTCCGGGCT540 30 CCGTCGGTGC GAGGAGCCGA CGCCGACGCC ACGGAGTCAG CACAAGTCTC ATCAGAGAAA600 CCCCGTTCAC CAAGGCCATG GAAGTGGAGG CTGCAGAGGC CCGGTCCCCA GCCCCCGGCT660 ACAAGCGCTC GGGCCGCCGC TACAAGTGCC TGTCCTGTAC CAAGACATTT CCAAACGCGC720 CCAGGGGAGC GCGCCACGCT GCCACACATG GGCCGGCAGA CTGCTCTGAA GAGGTGGCCG780 AGGTGAAGCC AAAGCCAGAG ACAGAAGCTA AGGCAGAGGA AGCCAGTGGG GAGAAGGTGT840 CAGCGTCCGG CGCCAAGCCT AGGCCCTATC GGTGTCCGCT ATGCCCCAAG GCCTACAAGA900 35 CGGCACCCGA CGTGCGCAGC CACCGGCGCA GCCACACGGG GGAGAAGCCC TTTCCGTGCC960 CCGAGTGCGG CCGC

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

40

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:1059 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

```
(vi) HERKUNFT:
```

WO 99/46374

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152: 10

```
GTGGGATGAC CGCGTGTATA GGACTCTCAG GCTTTTATCC TAGATCACCA CTGGATTGCT
     GACAGATAGA GGACGTGGGA CCGTGACTAT CACCCCTAAT CTGCAGTGGA TTTGGCTCTC 120
     GGCACTCCCA GGCTGGGAGC TGGATACCTG CCCTGGCAGC ATGACTCAGA CTGCATCACA 180
     GTCACAGACT CGCCTCTGCT CCTGTGGTCC AGTGGCCGGA CACCCCCTGG GATGGCTCAA 240
15
    AGGAGTCAGG ACTTGGAAGT GGGGACATCA GGGTAGCTGA AGGAAATCCA CACACCCAGA 300
     GCATCTCGGA GTTCAGACTC TCAGACCTGA AGTAGGCGCC CCCGGGACTG GGCTAGGAGT 360
     TGGACGGAAT GGAGGATGGA GGACAGCGAG AAGAAAGGAA GAGAAATGCA AAGTGTGGGC 420
     AGCCGCCAAG AGTGAAAATA GAGGGAAGTG TCATGCAAGT GCTGGACAGA AGGCGGCAGG 480
     TGGGACGAGC CCCACAGCCC CCTCCTCAAA AACGACCACC TCCAGGACTC AGTGATCCCT 540
20
     GGGGGGCAGG CTCTGCCAGC CCTCGGCCAC ACGTGGCTCC GGCACCCATG GTCCCAGTGC 600
     CTTGGATGGA GACGGCCAGT TCTGGCGGCC AGATGTGGTG CTCTGGAATC CAGTCCCATT 660
     TCCTTCCTGG CCACGCCTGT CCAGCGGCCT CTTCAGCCGC ATTCAGCCCC TACTTACCTG 720
     GGGACCCCGG CTGGGGCACG AGAGTACCAG GGGGGTAGGG CCCAAAGGGA TCAGGGGAAG 780
25
     CCTCTGGCCT GGAGGGTATG GGGCACGCTT CCCCAAGGGC GGACCCGGCA GGAGGAAGCC 840
     CAGGAGCTGG GTCCTGCCGC CCAGGAGCTG GGCCCTGCCA CCCAGGCCGG GCTAGGGACA 900
     TGGCAGGGCC TGGGCATCCT GACGCTGGAC TTGGGCGACC TGGGAGGCAC AGGGAGGGGA 960
     GAGATGGGCG GGCCCGCCC AGCGCAGTGC CGGCCACACC CATGCACCGA AGCTCCTCCC1020
     TGCCACGCCC CAAGGCGGTT GCCGGAGCTT ACCGGGGGT
30
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:2003 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs 40
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 50

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153:

```
GAGAGATCTG AAATAACCTT TCCCAGTGGG CAGGGTTGCC AGGGTTGAGG GGACAGCACA
    TACCACCCC ACCCAACCTG TTCGAGGGGC CCTGCATGGC ACGGGATGAG TCCCTGCCCT 120
5
    GTGCAGCTGC CTGGCAGTGG CTGGGACAAG GATCTTGCAG CCAGCACAGA GGCCTCTTCA 180
    AAGGCCTCTC CCTCTTGGCA CTCCAGGCAA GGCAGGTGCC CGCTTCCCCA ACACCTCCAG 240
    GCAGTGACCC TAGGGCATGC CCCAGCAGGT CTCCGAGCAG CCACTGGGAC CCGTCTCAGC 300
    ACATCCTGGC CTTTGAAAGT CTGATATCCT GAGAGGAGGG CAGGTTTTAG GGCCGCAGTT 360
    CCAGCCAGCG TCCCCAGCCT GGCTTCCCTG CCATGGACTC AGTAGCTCGT GGGGCTTCTT 420
10
    ACCACCACC AGCCCCGCTG GGGTGCGGCC TGGCTGTGGG CAAAGGAGGA CTTGCCTGGA 480
    GATTTGAGAG AAGATTCCTT CTACCAGGGC TGCTGAGGGG CCAGGCCTGC ATCAGGGGCT 540
    AGGCTCTGGC TGGGCCCGGA GGCTGAGACT AAGGCTTTCG ACCCTGGTGC CTCCATGTGG 600
    ATGCTGCCTC AGACAAAGGC AGTGAGCCTT CCCTGCCAAA GTGCCCATCC CATGGGCTCG 660
    GCCTCACTGG TCACTGTTAG CCCATGAACA CGTGTGGGCC TCGGTCACGT GGCTTTGAGG 720
15
    GCAGTCTGAC CAGGCTAGAC CACACGTGCC GTGACAGGGG GTGCCATTCC CCTCGCAGGC
    TCTAATGTGC CCACATGTAG CCTGGCAGTC CAAAGACCAA GAATCAACTT GCAAATCTGC 840
     CATTAAACTG CTGTGCGACT TCAGGCATAT CACTGCCTTC TCTGGGCTTC AGTGTCCTTT 900
     TCATACCTAG AAGTCTGCGG TCTGAGGCTC TTTGGGTTCA GACACACTGT TCTAGGCTTC 960
     TGTAGGGGAC CTTGTGATCT GCCGTGCCCC TCCTCCCTGT TCTTTTCTGT CCTCCCCACC1020
20
     CCACCCTCAG AAGCTGCTTG CTCTGCCCCC AGGACAGGAG CTTGACGGAT GAAGTGCAGC1080
     CAGCCACCCA GGTGCCATTT CCAGTCTGAC TTCCAGAAAT GTGCACCATG TCCTAGAGCA1140
     CAGACCCATT GGCTGGAGCC TCCTGGGAGG GTTCAAACCA TCAGCTCTAT GAGAAATGCC1200
     CAGAAAGGCT TTGCCGACTC CATCCGTCTG TGGAGGCTGC CTGCCTCCGG GGTGGGATGG1260
     GTGGTTTCTC CTCCAATTCA GACCCAAGAG GTAGCCCCCG AGGGCATGTA CCTGGTGGGA1320
25
     AGCAGCTCAG GTACCCTTGG GGGTTGCAGG GCCCTTACGC AGGTATTTCT CTCTCTCC1380
     TCTCTGGGGT GCGTGTGCC GTGCGCGTGT GCGTGCCTAT GCTTTTCTCT GTGGGCACAT1440
     CAGGATGCCC CTCGGAGAGC ATGTGCACGT GTCCCCACCT GAGCGAGCGT GTGTGTGC1500
     TCCTCTGCGT CCCAGGTTTG GACGTCTAGG GTTTGGTGTG CCTGTCTTCT GCCCTCCCTG1560
     AGCCCACAGG GTCAGTCAAT GTATCTTCTA CGTGCCTCTC CCTCTGCCTT CTCTCACAGT1620
30
     GCCCCGGCT CCAGAGCTCA GGGGTAGGGG TTCTCCTGAG GGTGCAGGGG ATCCTTCTCA1680
     TCTCCTGGAC CCTCCAGGGC ACTCTGGTCC CTATTCCCCA GCTCCTAGGC AGCTGAGCCG1740
     GGTCCCTTAG GGGAGGTGAC CAGGAGCTTT GGTGCAGGGA GCTCTTGGTG GGGCAAAGGG1800
     CTGGACCCCT GCCAGGTCTG TGGACATGGT TATATGCCCG GGAGAGGGGG GTGCAGGGCC1860
     CCAGGGATGG CCCCCAATCC CACCTCTGTT TATTCTGTAA ACTGCAACCT ATAAATAACC1920
35
     TTTAGCATTC CTATTGTAAC AAAATTAATT TTTATGAAAT AAATTATATT TCCTAGTCTA1980
                                                                       2003
     АТАААААААА ААААААААА ААА
```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:1130 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154:

```
10
    TATTTTTTT TTTACTGATA TATTGTAGTT TAATAAAACA TAGTTTATAC AGTTCATTGA
    AAAAGTATTT TAATACAAAC ACCACTTATA CACAAAACCA AATGTTGATA TTCTTGTTTT 120
     TAAAAATTCT TGATTTCTCT AAAACACTAA GATGCTATCT CAATAGAGAT TGCTTCACAT 180
     TTTCCAGTTT CTTGATCTGT GCATGTCACA TGTAAAGATC CATCCCTTTT CATAGTAAGA 240
    ACAGCTAATA TATCACGTAA TCCATTTTCT TTTTTATCTA AATCCTGGAG TACAACCTGT 300
    GCAAACTTGG TTTCCTCTTT GGCAGAGTTC TTCCCATCAG ACTCATAGAG TTCAAGGCAC 360
15
    ACTGAAGATA TGCTTCCAGG GGCTTGCAAT GTGTGTTGTC TTCGAGCTGG CAAAGGAGTC 420
     CCTGATGGAA ACAGCACTGT GAATCTACTG GCTCCTGATT CGTCCACACC CTTAACTAAA 480
    ATATCTCTGG CTGAACACTC TATCATAAGA GAGTCTTCCA CCAACAGGTT TTCTTTCCCA 540
    ATAAGAATTC CTGCTTCTAT AGCTGCACCA ATAGGGATCA CTTCATCAGG AGGGATAGAA 600
     TTGAGAAGCT CAACAGCTGG GAAAAGATCT TTAATCAGTT GCTGTAGCTT TGGGATTCGA 660
20
     GAAGACCCTC CACAAAGGAC AACCTTGTTG ATATCATCTG CTGTAAATCC ATTTTGATCT 720
    AAGAGTCCTC TGATTGCTTC TATACACTTA TTAAAAAGTG GAGAACAAAG AAGTTCAAAT 780
     CTTGCTCTGG ACACATTGCA ATCAAAATCT TGACCTTCAT ATAATGAGTC AAGAAAACAG 840
    TTGGCACTTC CCAAGGTTGA CAAAGAATGT TTCGCTACTT CAGCACTGTT CGTTAATTTC 900
    ATCATGGCTC GCGCATTTCC TCTCACATCA TGTTTGAAGG ATCTTTGGAA CTCAGAAGCT 960
25
    AGATACTGTG CTAAGGTTTC TGTGAAATGT GCACCACCGA TGTTATCATC AGTGTTTGTT1020
     GAAAGAACCC GATATATTCC ACTGTTAACT TCCATGACGC TGAGAGATAA GGATGTTCCT1080
     CCAAGCTTAA ACACCAAAAT ATTGCTTTTT CCAGTAGGGG AGTCTTGTCC
```

- 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:5779 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 45 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155:

WO 99/46374

			•			
	TTGCGGGAAA	GAGCCAAACC	CTGGCGTTGG	GGGGCCCGGG	CGGGGAGCCC	CTCCCGCGGT 60
	CCACAGCGAC	GCCTGCCCAG	CCCTCCTCCC	CTTCCGGCTC	CGGCACGGGG	CCCCGAGGCG 120
5	TTCGGAGGCC	AGGCGGGTTT	CTGTCAGGCC	CGGGGAGGAG	GGGCGGGCGG	GGCGGCCGCT 180
	GCCTCCCCGG	GACGGGCCGT	ACCACGCGGA	CGGGGAGGAC	GGGGCCAGGG	GACTGCAGGG 240
	CGGCTGCACC	GCCCGGGGGC	GGGGTGCGGA	CGGGCCGGCG	GGCTCCCCGG	GGCGGGGCGG 300
						CGGGACGGGC 360
						CCTGAGGCCG 420
10						CGCCCGGGC 480
10						CGCCAGCAAG 540
						GGCCAGCGAG 600
						GAGCAATGTT 660
						CAAGGTGGAC 720
15					AGTTTAAGGA	
15						CCAGAATTCA 840
						GCGTTTCCTC 900
						GGCGGAGATG 960
••			· ·			CACGCTTTTG1020
20						CATGGTGGTT1080
						CAAGGGTTCT1140
						ATTCAAAGAC1200
						AAAGAACTTC1260
						GGACTACAGC1320
25						GGTGGAGGAG1380
						CTGCTCCTAT1440
						TGGTCCTGGG1500
						CCCCAAGAAG1560
						GAAGAAAGCT1620
30					•	TGTGAACCCT1680
						GTTCTCTTCT1740
						AGGGAGAAGG1800
						CTTTAGCAAT1860
						GATGTGCTGT1920
35						TTTTCTCCCC1980
						TTTAAGATAC2040
						TTTCATTGCT2100
					·	TCTTTGCTGA2160
						GTCCTTCCAG2220
40						TGCATTTGCT2280
						CACCTTTCCC2340
						CACCAGGTCA2400
						ATCCTCATGG2460
						GAGAACCCTG2520
45						CTCTCTGTAA2580
						AGGACCCTCA2640
						AATGAGGCCC2700
						TTACTTCTAG2760
						CAGAGACACC2820
50	TCGTTAAGCT	CCGGGATGAC	CTTGTAGGAG	ATCTGTCTCC	CCTGTGCCTG	GAGAGTTACA2880
						TTCCTAGTTA2940
	CATGAGGATG	TGATCCAGGA	AATCCAGTTT	GGAGGCTTGA	TGTGGGTTTT	GACCTGGCCT3000
	CAGCCTTGGG	GCTGTGTTTT	CCTTGTTGCC	CCGCTCTAGA	CTTTTAGCAG	ATCTGCAGCC3060
						TCGGAGCCTG3120
55						ACAGCTCTGT3180
						AGGAACTGGG3240
						GATCGCTTGT3300
						GGCCAAGCCC3360

	AGCTTCCGAA	GCAGGAACCA	GCACTGTCTC	TGTGCCTGAC	TCACAGCATA	TAGGTCAGGA3420
	AAGAATGGAG	ACGGCATTCT	TGGACTTCAC	TGGGGCTGCT	GGATTGGATG	GGAAACCTTC3480
	TGGAAGAGGC	AGATGGGGGT	CAAACCACTG	CCCTTGCCCC	AGGAAGGGC	CATAGGTAGG3540
	TCTGAACAAC	TGCCGCAAGA	CCACTACATG	ACTTAGGGAA	CTTGAAACCA	ACTGGCTCAT3600
5 ·	GGAGAAAACA	AATTTGACTT	GGGAAAGGGA	TTATGTAGGA	ATAATGTTTG	GACTTGATTT3660
	CCCCACGTCA	TAATGAAGAA	TGGAAGTTTG	GATCTGCTCC	TCGTCAGGCG	CAGCATCŢCT3720
	GAAGCTTGGA	AAGCTGTCTT	CCAGCAGCCT	CCGTGGCCTC	GGGTTCCTAC	CGGCTTCTCT3780
	GCATTTGGTC	TGCTGATCAT	GTTGCCATAA	TGTGTATGGA	AAGTGTAACA	CATTCTTACT3840
	GGTTAAAGAC	GACTACCAGG	TATCTAACTT	GTTTAACATT	GAGATTGTGT	GTGTGTGTGT3900
10	ATGTTTGTGT	GTTTTGTATA	TTGTTTACAT	TTTGAGAGGT	AGCATTCTGT	TTCAAATGCT3960
	TTTTGTTTTT	CTGACCAGTA	TTGTTGACTG	GGTCATAACA	TTTTGAGCTG	TGGTTTGGTG4020
	GATTTTCAAT	TTTTTTTTT	AAAGGTCATT	CGCTGTGCTA	TCTTCAAAAC	CTTGAGTTTG4080
	GCCCCCAATT	TTTGGCATTC	AAATGTTTAA	AAGCTATTTA	TCTTGGTTTA	TACAAGTTTC4140
	CTTTCTCTTC	TTTTTGTCAT	GGTATTCTAT	TTGGTCTGCA	GTTTGAATGT	AGAGAAAGTG4200
15	GACTGATCCC	CCAAGCGTTG	TCTGCCCCCA	CTCTTTCCTC	CTTGGGTCCC	GCCATTCTTT4260
	TACTGGGCAG	TCGAGGGCAT	TGGAGGGGAA	GTGACTGCCC	TCAGCCTCAC	TCCCTGGGGC4320
	CATGAAGAAA	AGCTAAACAG	TCTCATGGCA	TCTCAGAATA	ATGTTGGGTC	TCCCAAGAAG4380
	AAAGGTGTAA	GAATAACGAC	ATGGCTGATT	AGGCGAGGCC.	AGGATAGGGC	TAAGGCCAGG4440
	ATTCCTGGCT	GGCATCCAGT	CACCCCTTCT	CCCATCCTTC	CCCCTCTTCT	TCCACAAGTC4500
20	CGCAGCCGAG	ACACTGTAGT	CTCCCAGCCA	CAGTGATGAG	TGCCCTGGAG	ACTCCACTGA4560
	CCTCTAGATG	AAGGCCCCTG	GCCCTGGTTC	CTGTTAATTA	ACCTCTGGGT	CTTTGAGTCC4620
	CCCAGCACAA	ACTTCTTTCC	TGTACCCTGC	GGCTTGGGGT	CACAGGGCAT	GCCGGGAAGC4680
	CACAGCTGAG	GGGCGCAGAC	TGAAGCAGTG	CTCCACCTCT	CCTTCTTTAG	CTCAGGGGTT4740
	GCTGGTCTGT	GGCAGGCGCC	ACGAGTGGCC	CCTGTGGCTG	TTCTCAGTGG	CAGTCTCTTA4800
25	AGTTCCCACC	ACAGGCAGCT	CTTTATCCCC	TCTCCCTACT	TGACTCTTTC	TCTTGCCTGT4860
	GCTTTTGGCC	TCAAACAGGC	CTGCTGGTAG	CGCTCAGGGC	GTGAGGCTAC	ACTCCTGCCC4920
	TGCCTTTCCT	GTCTTCATGG	TCTGCCAGGG	CATACCTTGG	GGAGGTGGAC	CAAAGACCCA4980
	GGACTTTTTG	CAGTAGCCAG	TCCTACCCCC	CAGTTGTCTT	TTTACCAATT	CAGGGTGGGA5040
	GAGAAAACTG	CAGCACCCCA	GCATGTGAGT	TACTCAGGTG	TTGGGGGCTA	GAAGGGACAG5100
30	TGCGTTTAAA	CAACACTCAG	AGCTCTGGCC	TTAAACCTGT	GGCCCCCAA	GTCTAGGAGC5160
	CTCATCTCTT	CCTGGCAGTC	ATGCGGGCAG	GAGGTCCTGA	AAGGGAAAAC	CCATTCAGAC5220
			GCCATCTGCA			TCTCCCTCCT5280
	CTAGAATGTG	CCACTTATGA	AGAGTGCCCC	ATGGGGAAAA	GGAGACTCAG	CTGTCCCTTG5340
	GCAGCTTGTG	CCAGTATCCC	AGGGCAGAAG	TTTCCACAGG	AGCCTCTTGC	CCTTGCGCAG5400
35					AGGGGGCAGT	ACTGCTCGGC5460
			ATCACTGAAA		TGAATTAAGT	TCATATCCAC5520
	CTTTTGGGGA	AGCAGGACAA	ACCACCACCC			CATATCCCAC5580
	TGCAGTTTCC	ATTTTTTAAA				ACGTCTGCTT5640
						GAATCTCCAA5700
40	CCTGAGGAAA	AAAATAAAAC	TCAAAAAGCT	TTGTGTAAAA	AAAAAAAAA	AAAAGAATGA5760
	GAGGAGAGCA	GGGGGCGGG				5779

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:2408 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

45

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156:

```
GCACGCCCTT CGGCCGCGC CGGGCCGCCC GCTCCTTCCT TCCGCTTGCG CTGTGAGCTG
    AGGCGGTGTA TGTGCGGCAA TAACATGTCA ACCCCGCTGC CCGCCATCGT GCCCGCCGCC 120
15
    CGGAAGGCCA CCGCTGCGGT GATTTTCCTG CATGGATTGG GAGATACTGG GCCTGTTAGG 180
    CCTGTTACAT TAAATATGAA CGTGGCTATG CCTTCATGGT TTGATATTAT TGGGCTTTCA 240
    CCAGATTCAC AGGAGGATGA ATCTGGGATT AAACAGGCAG CAGAAAATAT AAAAGCTTTG 300
    ATTGATCAAG AAGTGAAGAA TGGCATTCCT TCTAACAGAA TTATTTTGGG AGGGTTTTCT
    CAGGGAGGAG CTTTATCTTT ATATACTGCC CTTACCACAC AGCAGAAACT GGCAGGTGTC 420
20
    ACTGCACTCA GTTGCTGGCT TCCACTTCGG GCTTCCTTTC CACAGGGTCC TATCGGTGGT 480
     GCTAATAGAG ATATTTCTAT TCTCCAGTGC CACGGGGATT GTGACCCTTT GGTTCCCCTG 540
     ATGTTTGGTT CTCTTACGGT GGAAAAACTA AAAACATTGG TGAATCCAGC CAATGTGACC 600
     TTTAAAACCT ATGAAGGTAT GATGCACAGT TCGTGTCAAC AGGAAATGAT GGATGTCAAG 660
     CAATTCATTG ATAAACTCCT ACCTCCAATT GATTGACGTC ACTAAGAGGC CTTGTGTAGA 720
25
    AGTACACCAG CATCATTGTA GTAGAGTGTA AACCTTTTCC CATGCCCAGT CTTCAAATTT 780
     CTAATGTTTT GCAGTGTTAA AATGTTTTGC AAATACATGC CAATAACACA GATCAAATAA 840
     TATCTCCTCA TGAGAAATTT ATGATCTTTT AAGTTTCTAT ACATGTATTC TTATAAGACG 900
     ACCCAGGATC TACTATATTA GAATAGATGA AGCAGGTAGC TTCTTTTTC TCAAATGTAA 960
     TTCAGCAAAA TAATACAGTA CTGCCACCAG ATTTTTTATT ACATCATTTG AAAATTAGCA1020
     GTATGCTTAA TGAAAATTTG TTCAGGTATA AATGAGCAGT TAAGATATAA ACAATTTATG1080
30
     CATGCTGTGA CTTAGTCTAT GGATTTATTC CAAAATTGCT TAGTCACCAT GCAGTGTCTG1140
     TATTTTTATA TATGTGTTCA TATATACATA ATGATTATAA TACATAATAA GAATGAGGTG1200
     GTATTACATT ATTCCTAATA ATAGGGATAA TGCTGTTTAT TGTCAAGAAA AAGTAAAATC1260
     GTTCTCTTCA ATTAATGGCC CTTTTATTTT GGGACCAGGC TTTTATTTTC CCTGATATTA1320
35
     TTTCTATTTA ATACTCTTTT CTCTCAAGAA AAAAAAAAA GTTTGTTTTT TCTTTATTGT1380
     CCTTCATAGC AGGCCAAGTA TTGCCTCTCT GCAATAGACA GCTACTGTCA ATACATGCTG1440
     TAATTTGACA TTCTGGGTCA CAGATATAAG GTATTTAAAA TCTATTTATG CTTTATAGAG1500
     AAACCAGACA TTAAAACTTC ATGCACTACT TATTTCGAAT TACTGTACCT TATCCAAATT1560
     TACACCTAGC TATTAGGATC TTCAACCCAG GTAACAGGAA TAATTCTGTG GTTTCATTTT1620
     TCTGTAAACA ACTGAAAGAA TAATTAGATC ATATTCTAGT ATGTTCTGAA ATATCTTTAA1680
40
     GACTGATCTT AAAAACTAAC TTCTAAGATG ATTTCATCTT CTCATAGTAT AGAGTTTACT1740
     TTGTACACGT TTGAAACCAA CTACTGTAGA AGATGAGGAA TCTATTGTAA TTTTTTGCTT1800
     TATTTTCATC TGCCAGTGGA CTTATTTGAA ATTTTCACTT TAGTCAAATT ATTTTTTGTA1860
     TTAGTTTTTG ATGCAGACAT AAAAATAGCA ATCATTTTAA ATTGTCAAAA TTTCCAGATT1920
     ACTGGTAAAA ATTATTTGAA AACAAACTTA TGGGTAATAA AGGCTAGTCA GAACCCTATA1980
45
     CCATAAAGTG TAGTTACCAT ACAGATTAAT ATGTAGCAAA AATGTATGCT TGATATTTCT2040
     CAACTGTGTT AATTTTTCTG CTGTATTCCA GCTGACCAAA ACAATATTAA GAATGCATCT2100
     TTATAAATGG GTGCTAATTG ATAATGGAAA TAATTTAGTA ATGGACTATA CAGGATGTTA2160
     ATAATGAAGC CATATGTTTA TGTCTGGATT TAAAAATTTT AAACAATCAT TTACTATGTC2220
     ATTTTTCTTT ACCTTGAAGA ACATAAACTG TTATTTCACT TCTACAAATC AGCAAGATAT2280
50
     TATTTATGGC AAGAAATATT CCATTGAAAT ATTGTGCTGT AACATGGGAA AGTGTAAATG2340
     AAAGAGAG
                                                                     2408
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:1548 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

5

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157:
- CTGGGCTTTC ACGCTGCTGT GCGAGGAACT GCGCCAGAGC CTGAGCGGAG GCTGGGGGCA 25 GCCTCGCCAG CGGGGCCCC GGGCCTGGCC ATGCCTCACT GAGCCAGCGC CTGCGCCTCT 120 ACCTCGCCGA CAGCTGGAAC CAGTGCGACC TAGTGGCTCT CACCTGCTTC CTCCTGGGCG 180 TGGGCTGCCG GCTGACCCCG GGTTTGTACC ACCTGGGCCG CACTGTCCTC TGCATCGACT 240 TCATGGTTTT CACGGTGCGG CTGCTTCACA TCTTCACGGT CAACAAACAG CTGGGGCCCA 300 AGATCGTCAT CGTGAGCAAG ATGATGAAGG ACGTGTTCTT CTTCCTCTTC TTCCTCGGCG 360 30 TGTGGCTGGT AGCCTATGGC GTGGCCACGG AGGGGCTCCT GAGGCCACGG GACAGTGACT 420 TCCCAAGTAT CCTGCGCCGC GTCTTCTACC GTCCCTACCT GCAGATCTTC GGGCAGATTC 480 CCCAGGAGGA CATGGACGTG GCCCTCATGG AGCACAGCAA CTGCTCGTCG GAGCCCGGCT 540 TCTGGGCACA CCCTCCTGGG GCCCAGGCGG GCACCTGCGT CTCCCAGTAT GCCAACTGGC 600 TGGTGGTGCT GCTCCTCGTC ATCTTCCTGC TCGTGGCCAA CATCCTGCTG GTCAACTTGC 660 TCATTGCCAT GTTCAGTTAC ACATTCGGCA AAGTACAGGG CAACAGCGAT CTCTACTGGA 720 35 AGGCGCAGGT TACCGCCTCA TCCGGGAATT CCACTCTCGG CCCGCCTGG CCCCGCCCTT 780 TATCGTCATC TCCCACTTGC GCCTCCTGCT CAGGCAATTG TGCAGGCGAC CCCGGAGCCC 840 CCAGCCGTCC TCCCCGGCCC TCGAGCATTT CCGGGTTTAC CTTTCTAAGG AAGCCGAGCG 900 GAAGCTGCTA ACGTGGGAAT CGGTGCATAA GGAGAACTTT CTGCTGGCAC GCGCTAGGGA 960 CAAGCGGGAG AGCGACTCCG AGCGTCTGAA GCGCACGTCC CAGAAGGTGG ACTTGGCACT1020 40 GAAACAGCTG GGACACATCC GCGAGTACGA ACAGCGCCTG AAAGTGCTGG AGCGGGAGGT1080 CCAGCAGTGT AGCCGCGTCC TGGGGTGGGT GGCCGAGGCC CTGAGCCGCT CTGCCTTGCT1140 GCCCCCAGGT GGGCCGCCAC CCCCTGACCT GCCTGGGTCC AAAGACTGAG CCCTGCTGGC1200 GGACTTCAAG GAGAAGCCCC CACAGGGGAT TTTGCTCCTA GAGTAAGGCT CATCTGGGCC1260 45 TCGGCCCCG CACCTGGTGG CCTTGTCCTT GAGGTGAGCC CCATGTCCAT CTGGGCCACT1320 GTCAGGACCA CCTTTGGGAG TGTCATCCTT ACAAACCACA GCATGCCCGG CTCCTCCCAG1380 AACCAGTCCC AGCCTGGGAG GATCAAGGCC TGGATCCCGG GCCGTTATCC ATCTGGAGGC1440 TGCAGGGTCC TTGGGGTAAC AGGGACCACA GACCCCTCAC CACTCACAGA TTCCTCACAC1500 TGGGGAAATA AAGCCATTTC AGAGGAAAAA AAAAAAAAA AAAAAAAA
 - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

PCT/DE99/00721

(A) LÄNGE:2319 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 15 (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158:

	AACGTCATTG	GTAACAGCAA	GTCCCAGACA	CCAGCCCCCA	GTTCCGAAGT	GGTTTTGGAT	60
	TCAAAGAGAC	AAGTTGAGAG	AGAGGAAACC	AACCATGAGA	TCCAGGAGGG	GAAAGAAGAG	120
25	CCTCAGAGGG	ACAGGCTGCC	GCAGGAGCCA	GGCCGGGAGC	AGGTNGTGGA	AGACAGACCT	180
	GTAGGTGGAA	GAGGCTTCGG	GGGAGCCGGA	GAACTGGGCC	AGACCCCACA	GGTGCAGGCT	240
	GCCCTGTCAG	TGAGNCCAGG	AAAATCCAGA	GATGGAGGGC	CCTGAGCGAG	ACCAGCTTGT	300
	CATCCCCGAC	GGACAGGAGG	AGGAGCAGGA	AGCTGCCGGG	GAAGGGAGAA	ACCAGCAGAA	360
	ACTGAGAGGA	GAAGATGACT	ACAACATGGA	TGAAAATGAA	GCAGAATCTG	AGACAGACAA	420
30	GCAAGCAGCC	CTGGCAGGGA	ATGACAGAAA	CATAGATGTT	TTTAATGTTG	AAGATCAGAA	480
	AAGAGACACC	ATAAATTTAC	TTGATCAGCG	TGAAAAGCGG	AATCATACAC	TCTGAATTGA	540
	ACTGGAATCA	CATATTTCAC	AACAGGGCCG	AAGAGATGAC	TATAAAATGT	TCATGAGGGA	600
	CTGAATACTG	AAAACTGTGA	AATGTACTAA	ATAAAATGTA	CATCTGAANG	ATGATTATTG	660
	TGNAAATTTT	AGTATGCACT	TTGTGTAGGA	AAAAATGGNA	ATNGGTCTTT	TAAACAGCTT	720
35	TTGGGGGGNT	ACTTTNGGAA	GTGTCTNAAT	AANGGTGTCA	CNAATTTTTG	GNTAGTANGG	780
					AGTTCTCCTT	- ·	
	CGACANCGGG	NNGCTTCCTG	ATTCTGGAAT	ATAACTTTGT	GTAAATTAAC	AGCCACCTAT	900
					GGGTTCCGTC		
					TCACTGAAAA		
40					TCAATGGNCC		
					GCTTTAAGTC		
					ATAACCCTTG		
	TGTACAAAAC	GCTATTAAGT	GGCTTAGAAT	TTGAACATTT	GTGGNTCTTT	ATTTACTTTG1	1260
	CTTNCGTGTG	TGGGCAAAGC	AACATCTTCC	CTAAATATAT	ATTACCAAGA	AAANGCAAGA1	1320
45		0			AAAGGGGGCN		
					TTGTTGTGGA		
					TGATGTCGNA		
	CAGTGTTNAG				GAATACNNAA		
	TTTATCATAN				ACTCACAAAA		
50					CTAATTCACA		
					GGTAAATAGG		
					CNAGTAANGG		
					CCCAGAGATC		
	AACCCTCTTA	TTTTCNAGAG	GGGAAAATGG	GGCCTNAGNA	AGTTACANGA	GCATCNTNAG:	1920

WO 99/46374 164 PCT/DE99/00721

(CNTGGTGCGC	TGGNCACCCC	NTGGCCNTCN	ACACNAGACT	CCCNGAGTAG	CTGGGANCTA1980
	CAGGCACACA	GTCACTGAAG	CAGGCCCNTG	TTTGCAATTC	ACGTTGCCNA	CCTNCCAACN2040
7	TTAAACATTN	CTTCATATGT	GATGTCCTTA	GTCACNTAAG	GTTAAANCTT	TNCCCACCCA2100
(GAAAAGGCAA	CTTAGATAAA	ATCTTAGAGT	ACTTTCATAC	TCTTCTAANG	TCCTCTTCCA2160
(GCCTCACTTT	GAGTCCTCCT	TNGGGGTTGA	TNNNAGGAAT	TTTCTCTTGC	TTTCTCAATA2220
7	AAGTCTCTAT	TCATCTCATG	TTTAATTTGT	ACGCATAGAA	TTGCTGAGAA	ATAAAATGTT2280
(CTGTTCAACT	TANNNNNAAA	AAAAAAANAA	AAAAAAAA		2319

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

10

15

5

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:1467 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159:
- CGAGGACCGG CCTTGCGAGC GGCGACGACT ATAAAATGGC GCGTGCTGCA ACCCGCGCCC 35 GCTTCGGAGA GAGAAATGCT GGGGTGCAGC TTCAAGCTTA GGACCACCCA CCATGCCTAT 120 CCAGGTGCTG AAGGGCCTGA CCATCACTCA TTAAGAACAG AGGAGGCTGC CTGTTACTCC 180 TGGTGTTGCA TCCCTCCAGA CACTCTGCTG TTTCCTGCCT AGGCGTGGCT GCAGCCATGG 240 CTAGGAAAGC GCTGCCACCC ACCCACCTGG GCCAGAGCTG GTTCTGCTCC TGCTGCAGGG 300 ACACTGAGCT GGCTATCTCG GCGCTTCGGG CAAGAACTGC AACAGGCTCT CCTGGGTCCT 360 40 GCAGGTGTAC AGCCGGGCCC CTGCCTTGTG CCTCAGCTCT CGAGAGCTGC TGCTGCCGGG 420 TGACCTGATC CAACCTGATA AGGTGCCATC TTCAGCTACC ACTGCAAGGC CCTGAGGGCA 480 ACAGCAGCAC GGCACTGCCC ACCCGGCTGC TGATGGCCTG GTGCCAGCTG GGAGTCCTCC 540 CGGCACTTCG AGGCCACTGA GCCACCCTTC CAGCCCCAGC CCACCATGGA CAGGGGTATC 600 CAGCTTCCTC CTCAACCTCG TCCTCTGCCC CTGAGCCAGT GACGCCCAAG GACATGCCTG 660 45 TTACCCAGGT CCTGTACCAG CACTAGCTGG TCAAGGGCAT GACAGTGCTG GAGGCCGTCT 720 TGGAGATCCA GGCCATCACT GGCAGCAGGC TGCTCTCCAT GGTGCCAGGG CCCGCCAGGC 780 CACCAGGCTC ATGCTGGGAC CCAACCCAGT GCACAAGGAC TTGGCTGCTG AGCCACACAC 840 CCAGGAGAAG GTGGATAAGT GGGCTACCAA GGGCTTCCTG CAGGCTAGGG GAGGAGCCAC 900 CCCCGCTTCC CTATTGTGAC CAGGCCTATG GGGAGGAGCT GTCCATACGC CACCGTGAGA 960 50 CCAGAATCCT GGGGGAGCTG CTCCTGGTTT GAGCTGCATT CAGGAAGTGC GGGACATGGT1080 AGGGGAGGCA AAAAGCCTTG GGCACTACCC TCCCTGTGGA GCTGTTCGGT GTCCGTCGAG1140

CTAGCCACAC	CCTGACACCA	TGTTCAAGGG	TACCGGAAGA	GAAGGGTGTC	TGCCCCCAAC1200
CTCCCCTGTG	GGTGTCACTG	GCCAGATGTC	ATGAGGGAAG	CAGGCCTTGT	GAGTGGACAC1260
TGACCATGAG	TCCCTGGGGG	GAGTGATCCC	CCAGGCATCG	TGTGCCATGT	TGCACTTCTG1320
CCCAGGCAGC	AGGGTGGGTG	GGTACCATGG	GTGCCCACCC	CTCCACCACA	TGGGGCCCCA1380
AAGCACTGCA	GGCCAAGCAG	GGCAACCCCA	CACCCTTGAC	ATAAAAGCAT	CTTGAAGCTT1440
TTAAAAAAAA	AAAAAAAAA	AAAATAA			1467

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1348 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

5

10

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 25 (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160:

	CGTAACTGCA	GGTTGTGTGA	GTGCGTTAAA	AAAAAAAAA	AAAAAAAGAA	TCCCTATACC	60
35	TCATTTGTAT	TTTTAAAATG	CGTGATGTTT	TATGAAATTG	TGTCCATTTT	TTAGGTATTA	120
	GATATGGCAG	AAAAACCATT	TCCACTATGC	AAAGTTCTTT	TAGACGTCAG	TGAAAATCAA	180
	CTCTCATACC	TCATGGTCTC	TCTTTAATTG	ACCAAAACCT	TCCATTTTTC	TCTAAATACA	240
•	AAGCGATCTG	TGTTCTGAGC	AACCTTTCCC	CGAACACACA	GCTTCAGTGC	AGCAÇGCTGA	300
	CCTGAGTATC	CACCATGTGC	CAGGCACAGT	GCTGGGCACA	CGAGGCACCA	AGGTCCGGGC	360
40	CACCTGCCCG	CAGCAAGGCC	CAGCTGAGGT	GGTGGAGGGA	GCCCCTGAGG	TCAGGGGCCG	420
	TTTCGGTTCA	GGGTGGCAGG	TGTCCAGCAC	TGGGGTATGG	CGTCGAGGCT	TCCATGGGGT	480
	GGGGGAGGCC	AGCTTCCTTC	TGACAGGATG	GGCGCATACA	GTGCCTGGTG	TGATTTGTGC	540
	ACAACCCGTG	TTCCAGGTGC	ACATCCTCCC	AAGGAGACAC	CCAGACCCTT	CCAGCACGGG	600
	CCGGCCAAGT	TGCTGCGGCG	GAGGCAGCAT	TTCAGCTGTG	AGGAAGGTCA	TTGGATTCAT	660
45	GTGTTTTATC	TGTAAAAATG	GTTGTCTTAA	CTTCTTAACC	TCATATTGGT	AAGTGATTGA	720
	TAAAAATTGG	TTGGTGTTTC	ATGACATGTG	GACTTCTTTT	GAAATAGCAA	GTCAAATGTA	780
	GTGACCAAAT	TGTGGAAGAG	ATTTCTGTCA	AATAGGAAAT	GTGTAAGTTC	GTCTAAAAGC	840
	TGATGGTTAT	GTAAGTTGCT	CAGGCACTCA	GATGACAGCA	GATTCTGGGT	TCTGGGAGTG	900
	TTCTGTGCCT	CTTACATGCC	CTGGAGGCCT	CATGGTCTCA	GTGCTGAGGC	GGCACACCTG	960
50	TAGCACACCT	GCGTAATGTG	CGGTCTGGGC	CAGTCACAAG	GAATTGTGTT	GTCTAAGCCA	1020
	AAGGGGGAAG	CTGACTGTGA	TTTACCAAAA	AAAATTCTGT	AATTCAAACC	AAAATGTCTG:	1080
	CGGAATCACC	AGTTTGATAC	TCTCTGTAAT	CAGAACAGTG	GGCAGTGCCT	GGGTGAACGT	1140
	GTCTAGCAGC	CACTGTGCGG	GATCGCTGTA	ACAGGAGTGG	AATGTACATA	TTTATTTACT	1200

TTTCTAACTG CTCCAACAGC CAAATGCCTT TTTTATGACC ATTGTATTCA GTTCATTACC1260
AAAGAAATGT TTGCACTTTG TAATGATGCC TTTCAGTTCA AATAAATGGG TCACATTTTC1320
AAATGGAAAA AAAAAAAAA AAAAAAAA

- 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:1290 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161:

30						
•	CCCAACTCCA	CCCAGGGATC	CTGGTGTACG	GGCTGACCTG	TTATGCTTTT	CTGCCCTTCG 60
	GCCCTTTGGG	GAGCCACGGC	GGGAGGTGGA	GATCCACCGG	CGATATGTGG	CCCAGTCGGT 120
	CCAGCTCTTT	ATTCTCTACT	TCTTCAACCT	GGCCGTGCTT	TCCACTTACC	TGCCCCAGGA 180
	TACCCTCAAA	CTGCTCCCTC	TGCTCACTGG	TCTCTTTGCC	GTCTCCCGGC	TGATCTACTG 240
35	GCTGACCTTT	GCCGTGGGCC	GCTCCTTCCG	AGGCTTCGGC	TACGGCCTGA	CGTTTCTGCC 300
	ACTGCTGTCG	ATGCTGATGT	GGAACCTCTA	CTACATGTTC	GTGGTGGAGC	CGGAGCGCAT 360
	GCTCACTGCC	ACCGAGAGCC	GCCTGGACTA	CCCGGACCAC	GCCCGCTCGG	CCTCCGACTA 420
	CAGGCCCCGC	CCCTGGGGCT	GAGCCTCTCC	GCCCTCGCCC	TCGGAGTAGG	GGGTAGCGGC 480
•	TTGGGTCTGA	CACATCTTTG	AACCTTGTGG	CCAGGCCTGG	ACTTCGCCCC	CAGGCCTAGG 540
40	ACCGCGGTGG	GTGGAACCCT	GCTACTGCCC	CAACAGGGAC	TCCAATCAAT	CGGAGTTCTC 600
•	CCCTTGCCGG	AGCTGCCCTT	CACCTTTGGG	GCCCGAGACA	GTCATAAGGG	ATGGACTTAG 660
	TTTTCTTGCA	GGGAAAAAGG	TGGACAGCCG	TGTTTCTTAA	GGATGCTGAG	GGCATGGGGC 720
	CAGGACCAGG	GGAGAGGCAC	AGCTCCTTCC	TGAGCAGCCT	CTCACCACTG	CCACAAGGCT 780
	CCCTAATGCT	GGTCTCTGCT	CCACTCCCCG		AGGCAGGAGG	CAGAGCCACA 840
45	GCCAAGGCCC	TGACCACTTC	TGTGCCAGTT		AGCGCCTCAG	GGACGCTGGA 900
	AATGCCTTAA	GGATAGAGGC	TGGGCATCAC	ATCAAATGGG	ACTGTGGTGT	TTGGTGAAAA 960
	CCTTCCTGAG	GATCTGGATT	CAGGACCCTC	CATGACTGGC	CTATTTACTG	TTTACAGCTG1020
	GCCAGTGCAG	AGCTGCTGCT	CTTTTACCTT	TTTAGGCCCC	TGTAACTTCC	CACCTTTAAA1080
	CTGCCCAGAA	GGCATGCCTC	TCCCACAGGA	AGAGGGGAGC	AGACAGGGAA	ATCTGCCTAC1140
50	CAAGAGGGGT	GTGTGTGTCT	TTGTGCCCAC	ACGTGGTGGC	TGGGGAGTGC	CTGGATGGTG1200
	CGGTGGTTGA	TGTTAACCTA	GTGTGTGTGT	GTGTGTGTGT	GTGTGTGTGT	GTGTGTGTGT1260
	GTGTAACAAT	AAATTACTAC	CAGTCAAAAA		,	1290

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:2912 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

5

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162:

GTCGACCGTG GCCGCTGGCT GGCTGGACAG GCGGGTGTGA GGAGTTGCAG ACCCAAACCC ACGTGCATTT TGGGACAATT GCTTTTTAAA ACGTTTTTAT GCCAAAAATC CTTCATTGTG 120 ATTTTCAGAA CCACGTCAGA TATACCAAGT GACTGTCTGT GGGGTTTGAC AACTGTGGAA 180 AGGCGAGCAG AAAACTCCGG CGGTCTGAGG CCATGGAGGT GGTTGCTGCA TTTGAGAGGG 240 30 AGTAGGGGGC TAGATGTGGC TCCTAGTGCA AACCGGAAAC CATGGCACCT TCCAGAGCCG 300 TGGTCTCAAG GAGTCAGAGC AGGGCTGGCC CTCAGTAGCT GCAGGGAGCT TTGATGCAAC 360 TTATTTGTAA GAAGGATTTT TAAATTTTTT ATGGGTAGAA TTGTAGTCAG GAAAACAGAA 420 AGGGCTTGAA ATTTAATAAG TGCTGCTGGA AGGGGATATT CCAAGCCGGC AAGAGGATTC 480 AGCAGCTGTG GTGGGGAAAC ATTTCTCCTG AAAGACTGAA CGTGTTTCTT CATGACAGCT 540 35 GCTCAAAGCA GGTTTCTGAG ATAGCTGACC GAGCTATGGT AAATCTCTTT GTCAAATTAC 600 GAAAACTTCA GGGTGAAATC CTATGCTTCC ATGTACATTA CATGGCTTAA GATTAAACAA 660 AAACATTTTT CAAGTCTCTA ACTAGAGTGA ACTCTAGAGC ACAGTAGTTC AGAAACTATT 720 TAGAGCTTCC AGGATATATT TCACAGCTTC AGGCATGTGA TCAGTTAGAG CCGATGAAAC 780 CTATGCCCGC CTGTATATAT ATTAGCAGCT TAGCTAGTTC ATAACCTGTA TATTCTAAAG 840 40 ACTGCTAAGG TTTTGTTTTC ATTTTAAATC CTAGCTGATT GTTGTGGTCA ATGAAATACC 900 CAGTTTCTGG AGGGNCCAGG TGGGAAATGC TTTCACTGGA CCAACACACA AATGATCATC 960 CTGNAGGATC TGAGCTTCCC TANGACTCCA CACAATAACN GTTGGGGCAC CCNTTTTANG1020 AGAAGACTGT TGAAACCCAC AGCACTCGTT GGGGTATGAG GAAACCAGGG NCTTGGCACA1080 GGAAGTTCCC CTTTGTAGCT AAAAGTCCAG AAAGAAAGGG TTCATCTTTT TGACTTCCAA1140 45 CTGATATTGG GAAGTTTGGT TGAGGTTCAA GTGTGACTCC TTCCAGAGCC ACAGGTAGGG1200 GAGTGTGAAG TTGAGGGGGA GGAAAGCTGG AAGGACTCTG CCTTGGGAGA TTCCCAGCTC1260 TGCTTTCCAG CGCTTGGTGG NAATCTGGGC TGGGGAAAGA CNGGCACCNG GGAAACTCTG1320 CTTCCCCATT GTTTCCATCT GATCAGCTGT GGTGTGAGGA CTTCTCAGAC AAAGGCAAGG1380 CCTCNGTGCC CCTGCCCAGC CCATTCATGG AGCCCTGGGC CTTCTTGGCT TCCATAGATC1440 50 CTAAGCTCTT GACTGTAGTT TAGCCAGACT TGTTTTGCTA TCTTATNAAG CAGTTCAGAA1500 TTANGGGAAT GCTGGTTTTG AAGAGCAAAG GACAGGTAGT CTAGNAGAGG GNTCGTCTGG1560 NCCTGCTTGC TGGGNTCNNT TTGTAACCCA GCACTTCCNT CTTGCCCTCC TGGCTTTATG1620

	TTTATNGGGG	AGAGGACTCA	ATNAGCTCCA	CCCCTTCTTG	GCACCAGATG	GGGCTTTGGT1680
	TAGTTTNGCA	ATAAGCACCT	TGCAGANGGN	TTAAAGCCAG	CGGGTCCCNT	AGTCTTNNAG1740
	GCCCAGCCTG	CTGTGTGTGG	GCTCTGGCCT	GGCCTGGTGG	CTGGCCCAGG	GCGGAGCAAG1800
	TGCTTAGAGC	TTCTGCAGGG	CTTCTCTTGT	TTACACAGCT	GCATCAGACA	ATGCCATTTC1860
5	TCCCCACCAC	GGAACCTTCC	ATCTAAGATT	TCTTCCANGG	GAATGCCAGC	AATCAGGCAG1920
	CACCCAGCTG	TGGGGGCAGT	GGGGTGGGGG	AGACCCACAT	TGATGACTTT	TTTTTTTTTT1980
	TTTAATGAAG	AAACACCAAA	GAAAGCTGTG	GAAAGGACCT	GCCCCACATG	AAAAGGATAA2040
	GCCAAGATGG	CTGTAAACAC	AGAGCATTTG	AGCTGCCACT	CTTGGAGCAC	ATTGATTTTT2100
	CAAAAGCCAG	CTCTGTCAGG	AAAGGAGGTG	CTGTTATGAG	CAGCTCTTCC	AGTGGGNCAA2160
10	AGAGGACGCC	CATNAATTTC	TTCCATTGCT	AGCTCATCTG	TGGGGACCAA	TTTGGTGTTA2220
	AGCAACCTGT	GGCCTGCACT	TGTGGCCTCG	AAGGAAGCAC	AAACCCTCCA	TCCACTTCCC2280
	ATTTCCTCTG	CCCTTTTCCA	CCTCCCCCTT	CCATCCCACC	AGCTGCCNAG	TGGCTNCCCA2340
	GAAAGCCTTA	TTGAGCCCCT	TGTTGACACT	TGGGGCTGCG	GNAGGCCTCT	CCCNTACTGG2400
	TCTGGCCTTT	CCTGAGAGGC	AGGTCTTCCG	TCCTCAGAGC	CTTTCTGGAA	CAAGGAGAAT2460
15	GCCTGTGNNC	AGGTGGNNAC	ACNACNAGGC	CTGGCCTGTN	CGCTNCTCNA	CTTGTCTTNC2520
	CAGCGGGGAN	GCTTNCACGT	TGCCNGAGTG	GAANGAANCC	ATGACCNNTC	CACTTNGCTT2580
	NCCAAGGNTG	NCTAGGGAAG	TTTCAGGGTA	CGCTGGNTTC	CCCTCNTCCA	GCTGGANGGC2640
	CGAGTTTCTG	GGGNACNTGC	AGATTTTTNC	TACTCTGTGA	NTCGATTCAA	TGCCCGATGC2700
	TTCTGTTTNC	ATTCCCGACC	CTTTCTACTA	TGCATTTTCC	TTTTATCAGG	TGTATAAAGT2760
20	TAAATACTGT	GTATTTATCA	CTAAAAAGTA	CATGAACTTA	AGAGACAACT	AAGCCTTTCG2820
	TGTTTTTCCA	CAGGTGTTTA	AGCTTCTCTG	TACAGTTGAA	ATAAACAGAC	AGCAAAATGG2880
	TGCCAANAAA	AAAAAAAAA	AAAAAAAA	AA		2912

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163

25

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:850 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- 30 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163
- 50 CCGTGTTGTA CGGCGGACTT CTCGCGCAGT GAATGACCTG GAAGTGATGC CTAAAGCTGT 60
 GGACCGCGC GGATCGCCTC CCTGGGACTA GGTTTCAGCG GCCGCTGCGA TGACCAAAAT120
 AAAGGCAGAT CCCGACGGC CCGAGGCTCA GGCGGAGGCG TGTTCCGGGG AGCGCACCTA180
 CCAGGAGCTG CTGGTCAACC AGAACCCCAT CGCGCAGCCC TGGCTTCTCG CCGCCTCACG240

	CGGAAGCTCT	ACAAATGCAT	CAAGAAAGCG	GTGAAGCAGA	AGCAGATTCG	GCGCGGGGTG300
	AAAGAGGTTC	AGAAATTTGT	CAACAAAGGA	GAAAAAGGGA	TCATGGTTTT	GGCAGGAGAC360
	ACACTGCCCA	TTGAGGTATA	CTGCCATCTC	CCAGTCATGT	GTGAGGACCG	AAATTTGCCC420
	TATGTCTATA	TCCCCTCTAA	GACGGACCTG	GGTGCAGCCG	CAGGTCCAAG	CGCCCCACCT480
5	GTGTGATAAT	GGTCAAGCCC	CATGAGGAGT	ACCAGGAGGC	TTACGATGAG	TGCCTGGAGG540
	AGGTGCAGTC	CCTGCCCCTA	CCCCTATGAG	GGGCTCCGGT	AGCACCTGGG	CACCTGCCGC600
	TGGAAGCTAT	TGGGCTGGCA	GCAGGACGAC	TGGCTGTCCT	CCTGCCCACC	CACACTGACG660
	GCATCTTCCC	AGTTCCCCAA	GGCACGCCTT	CTTCCCAGGC	AGCTCTAACA	GCCCTTTCAT720
	GAAGGTAATG	CTAGTCTTCT	GTCCATCAGT	GCCATTTCCT	GTAGAACTAA	AGGCTGTTCC780
10	AAGAATGTGG	GGTGGGGAAA	GTAAATGCTA	AGACTAAAAA	AAAAAAAAA	AAAAAAAAAAA840
	AAAAAAAAA					850

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE:2223 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

20

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

30

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164:

	GGTGGGTGGA	GCCAGGCTTG	GCGGGCTGTG	CGTGCTCGCG	GTGGGCGGTG	GCGGCGGCTG	60
40	CCTCGCGAAG	GTTCGAGATC	CGTCGCGTGC	GGGAGGCGGG	CCGCGATCTT	GCGCAGGGTC	120
	GGTGTGGGCG	CAGGCTGCAG	CGCCGCGACT	CGTGCGGGTA	GGCGTCTGCG	CTCGGTTTGA	180
-	GGGCTCGGCG	CGGGGTTTCC	TGTTCCTTCT	TCTGCGCGGC	TGCAGCTCGG	GACTTCGGCC	240
	TGACCCAGCC	CCCATGGCTT	CAGAAGAGCT	ACAGAAAGAT	CTAGAAGAGG	TAAAGGTGTT	300
	GCTGGAAAAG	GCTACTAGGA	AAAGAGTACG	TGATGCCCTT	ACAGCTGAAA	AATCCAAGAT	360
45	TGAGACAGAA	ATCAAGAACA	AGATGCAACA	GAAATCACAG	AAGAAAGCAG	AACTTCTTGA	420
	TAATGAAAAA	CCAGCTGCTG	TGGTTGCTCC	CATTACAACG	GGCTATACGG	TGAAAATCAG	480
	TAATTATGGA	TGGGATCAGT	CAGATAAGTT	TGTGAAAATC	TACATTACCT	TAACTGGAGT	540
	TCATCAAGTT	CCCACTGAGA	ATGTGCAGGT	GCATTTCACA	GAGAGGTCAT	TTGATCTTTT	600
	GGTAAAGAAT	CTAAATGGGA	AGAGTTACTC	CATGATTGTG	AACAATCTCT	TGAAACCCAT	660
50	CTCTGTGGAA	GGCAGTTCAA	AAAAAGTCAA	GACTGATACA	GTTCTTATAT	TGTGTAGAAA	720
	GAAAGTGGAA	AACACAAGGT	GGGATTACCT	GACCCAGGTT	GAAAAGGAGT	GCAAAGAAAA	780
	AGAGAAGCCC	TCCTATGACA	CTGAAACAGA	TCCTAGTGAG	GGATTGATGA	ATGTTCTAAA	840
	GAAAATTTAT	GAAGATGGAG	ACGATGATAT	GAAGCGAACC	ATTAATAAAG	CCTGGGTGGA	900

WO 99/46374 170 PCT/DE99/00721

	ATCAAGAGAG	AAGCAAGCCA	AAGGAGACAC	GGAATTTTGA	GACTTTAAAG	TCGTTTTGGG 960
	AACTGTGATG	TGATGTGGAA	ATACTGATGT	TTCCAGTAAG	GGAATATTGG	
	ATATAAATTT					TGAGCTGCAT1020
		GACAGATAGC	TATTTACATA	GCCTTCTAAG	TAAAGGCAAT	GAATTCTCCA1080
	TTTCCTACTG	GAGGATTTAT	TTAAATAAAA	TATGCTTATT	AAACACTCCT	GCAAAGATGG1140
5	TTTTATTAGT	ACCCTGGTCA	TTTTGTTCAA	GGAAGGGTTA	TATTGCATTC	TCACGTGAAA1200
	TATAAAAAGC	AAGTCTTGCC	CAATAAAAAC	GCTACATTGT	GTGTATTTTT	TGTTCAGCTA1260
	AGAATTGGAA	AAGTATTTGC	TTGCCTTTTA	AGTTACTGAC	ATCAGCTTCC	ACCAGTGTAA1320
	AAATTGAGTA	AAACCTGAAG	TTTTGCATAA	AATGCAAATC	GGTGCCTGTG	CTTGAAGGTT1380
	GCTGTAGAGC	ATCTGACCCC	TTATTACCAC	CTTAAGCAAT	GTATATGCCA	TGCATTACCA1440
10	TGCACTAATT	CAATCACAGG	TGTTTCTATC	TAGATTTAAA	TATATTTGTC	AATGAATGTG1500
	GAATAGAAAA	TCTAAACATG	ACAATAATAG	ACATATCTTT	GTATGGTACC	AGTTAGTTTT1560
	GCCGTGGATC	AGATGGTTTA	TAAAAGTAAT	AACCATAAAG	САААААТАА	TTTGAAAGCC1620
	CGTCTATTCC	TATGCTCAAT	AAAGTTAAGT	TTTTCTTCAT	TAGAACAGTT	TTATGATTTA1680
	TTTGTCTAGG	AGTATGTCAG	AAAAATCAGG	CTTTTAGTAG	GAATTACTCC	TATTCCCCCT1740
15	GAAGTCAGGA	CCAGTGCCTG	TGATCTCCAT	TACTTTATTT	TCCTGGAGGT	ATTAGCCAAC1800
	ACAGTTAGAT	CAGAGAAAGC	AATTGAAGCC	AGGCATGAAG	TGGCGCCCGT	AATCCCAGCT1860
	ACTAAGGCTG	GAGGATCACT	TCAGCCCAGG	AGTTTAAGGC	TGCAGTGAGC	TATGATGATG1920
	CCACTGTACT	GCAGCTTGGG	TAACAGATTG	AGAACCTGTC	TCATTAAAAA	AAAAAAAAA1980
	AAAAAAGCCG	TTAGACACAC	AGGAAAAATC	CAGAAGGGTA	AACTAAACTA	AAGTCCAATT2040
20	AATATGGGAA	TTTGGAAGAA	GTGGTAGGAT	TTAAAATACA	GAACCAGTTT	ATGTTAGGAT2100
	AGTATAAGTA	AATCTGAACA	CATTATGGCC	TCTGTAATTG	GGGTTGCACA	TGACAGATGG2160
	CAGCACAATC	ATTGAAAGTT	CAGATATGGT	AAAGTGGGTA	GATGGTTTTA	TGTCTAGTAC2220
	TGA	· · - 				2223
						2223

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 547 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

25

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

	QDFIGGEPTP	GRYCHGGFGV	LLSRMLLQQL	RPHLEGCRND	IVSARPDEWL	GRCILDATGV	60
45	GCTGDHEGVH	YSHLELSPGE	PVQEGDPHFR	SALTAHPVRD	PVHMYQLHKA	FARAELERTY	120
		QNTSHLAVDG					180
		ADVADVLGTA					240
		PLTRRVQLLR					300
	ATAALEPGDA						360
50	AAPSPLRLMD	LLSKKHPLDT	LFLLAGPDTV	LTPDFLNRCR	MHAISGWQAF	FPMHFQAFHP	420
		PELGRDTGRF					480
	LFLHFSSLHV	LRAVEPALLQ	RYRAQTCSAR	LSEDLYHRCL	QSVLEGLGSR	TQLAMLLFEQ	540
	EOGNST*	1					547

	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:	
5	(A) LÄNGE: 268 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
10.	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166	
20	TAAACMPSPA GRPSFPCISK PSTQLWPHHK GLGPQSWAVT LAALIARQPA RPASTTPTTW QPVGAWRQPQ NKKRSCWRAW MCTSCSSTSP VCMCCGRWSR RCCSATGPRR AARGSVRTCT TAASRACLRA SAPEPSWPCY SLNRSRATAP DPTLSPWAVA WPHPTPLLPQ NQSHLPASLG RAGRSQTPSW PTGPLSGSVG PWALDKHWGT CPQSHPLLIP NPVSLPPDAA DSGCGLHVFM QYSLPDASPA SGPWGLGCRR VVGEGGS*	120 180 240 268
25	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:	
30	(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	-
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
35	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167	
45	MKRQLGRLLL LRRVLDPLLC DFLDSQDSGS LCFCFRWLLI WFKREFPFPD VLRLWEVLWT GLPGPNLHLL VACAILDMER DTLMLSGFGS NEILKHINEL TMKLSVEDVL TRAEALHRQL TACAEGPTTC RRSGVGRP	60 120 138
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:	
50	(A) LÄNGE: 251 Aminosäuren (B) TYP: Protein	

	(C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168	
15	RHWGAGVDRL NYEDHCFSGH ATMHAENLWP GRLSSVQQIL QLSDLWRLTL QKRGCKGLVK VGAPGILQGM VLSFGGLQFT ENHLQFQADP DVLHNSYALH GIRYKNDHIN LAVLADAEGK PYLHVSVESR GQPVKIYACK AGCLDEPVEL TSAPTGHTFS VMVTQPITPL LYISTDLTHL QDLRHTLHLK AILAHDEHMA QQDPGLPFLF WFSVASLITL FHLFLFKLIY NEYCGPGAKP LFRSKEDPSV *	60 120 180 240 251
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:	
25	(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 169	
40	PVEADPPEAW LQGAGEGGCP RHPAGDGAQL WGAAVHREPP PVPGRPRRAA QQLCIAWHPL QERPYQPGRA GGCRGQALPT RVRGVPWPAC QDLCLQGRLP GRASGADLGA HGPHLLGHGD TAHHATALHL HRPHTPAGPA AHAAPQGHPG P*	60 120 152
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:	
45	(A) LÄNGE: 315 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
50	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	

(iii)	HY	PC)TH	IET	IS	CH:	ja
-------	----	----	-----	------------	----	-----	----

(vi) HERKUNFT:

5

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 170

VIFYLYNKVY LHGSFDFDPS QQRHCTSASS RFGSSLPVPY VTEASRLTVL LPLAAAERDL 60
APGFLEAFAT AALEPGDAAA ALTLLLLYEP RQAQRVAHAD VFAPVKAHVA ELERRFPGAR 120
VPWLSVQTAA PSPLRLMDLL SKKHPLDTLF LLAGPDTVLT PDFLNRCRMH AISGWQAFFP 180
MHFQAFHPAV APPQGPGPPE LGRDTGRFDR QAASEACFYN SDYVAARGRL AAASEQEEEL 240
LESLDVYELF LHFSSLHVLR AVEPALLQRY RAQTCSARLS EDLYHRCLQS VLEGLGSRTQ 300
LAMLLFEQEQ GNST*

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

(A) LÄNGE: 268 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 171

TAAACMPSPA GRPSFPCISK PSTQLWPHHK GLGPQSWAVT LAALIARQPA RPASTTPTTW 60
QPVGAWRQPQ NKKRSCWRAW MCTSCSSTSP VCMCCGRWSR RCCSATGPRR AARGSVRTCT 120
TAASRACLRA SAPEPSWPCY SLNRSRATAP DPTLSPWAVA WPHPTPLLPQ NQSHLPASLG 180
RAGRSQTPSW PTGPLSGSVG PWALDKHWGT CPQSHPLLIP NPVSLPPDAA DSGCGLHVFM 240
QYSLPDASPA SGPWGLGCRR VVGEGGS* 268

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 259 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
5	•	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172	
10	YDPIGFGLSW EAGRIIGWGK PTRGRGRGGS LSTRGRGSEV PDSAHLAPTP LFSESGCCGL RSRFLTDCKM EEGGNLGGLI KMVHLLVLSG AWGMQMWVTF VSGFLLFRSL PRHTFGLVQS KLFPFYFHIS MGCAFINLCI LASQHAWAQL TFWEASQLYL LFLSLTLATV NARWLEPRTT AAMWALQTVE KERGLGGEVP GSHQGPDPYR QLREKDPKYS ALRQNFFRYH GLSSLCNLGC VLSNGLCLAG LALEIRSL*	120 180 240 259
15	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:	
20	(A) LÄNGE: 207 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
25	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
30	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 173	
35	DGPSTGLVRC LGHANVGDLR LRLPAFPKPS PTYLRTSAEQ TLPLLLPHLH GLCLHQPLHL GFTACLGSAH ILGGQPALPA VPEPYAGHCQ RPLAGTPHHS CHVGPANRGE GARPGWGGTR QPPGSRSLPP AAREGPQVQC SPPEFLPLPW AVLSLQSGLR PEQWALSRWP CPGNKEPLAW ALHANKCFFR KKKKKKRGER KRKRREE	120 180 207
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:	
40	(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
45	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	

(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174	
5	ISFLEQGNLV IVLSLPRIHP YLENWGLKAI RIHQFKNTYV HLISNTNYPE ETKIDQIYSS K*	60 62
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:	
10	(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
15	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
25	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175	-
23	CLPQYWKCHE FSIRRTLLLV HFKVIPVIVA KESTQWEMEE KCRESKQLVF SFITEVL* 58	
30	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:	
	(A) LÄNGE: 252 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STrang: einzel	
35	(D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
45	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 176	
50	The state of the s	60 120 180 240 252

	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:	
5	(A) LÄNGE: 191 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
10	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177	
20	GPAAAADPPA CLPSLAALAQ AVAAQVLEGS GAGTGAGDLH AAPGRRGAHH RVESLVLQLG GCHTYTLPVL EKGECAVPGV QVHANDGALA EPRREAGLVA LVVEEARVGE APAVLIPAQQ AAERVAVFVQ VHIRRPDAHH HVGAVDGRGH LDLPEVLALP QLLGAPDGRC AAAVLHVEAD LTVVTAQQGG *	60 120 180 191
25	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:	
30	(A) LÄNGE: 178 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
35	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178	
45	LRKIPHFRSP RHRSHLPAPR WVLAPAPVWQ GPGSVGARSR RRRHGVSTSL IRETPFTKAM EVEAAEARSP APGYKRSGRR YKCLSCTKTF PNAPRGARHA ATHGPADCSE EVAEVKPKPE TEAKAEEASG EKVSASGAKP RPYRCPLCPK AYKTAPDVRS HRRSHTGEKP FPCPECGR	60 120 178
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:	
50	(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren (B) TYP: Protein	

PCT/DE99/00721

	(C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179	
15	REVSCKCWTE GGRWDEPHSP LLKNDHLQDS VIPGGQALPA LGHTWLRHPW SQCLGWRRPV LAARCGALES SPISFLATPV QRPLQPHSAP TYLGTPAGAR EYQGGRAQRD QGKPLAWRVW GTLPQGRTRQ EEAQELGPAA QELGPATQAG LGTWQGLGIL TLDLGDLGGT GRGEMGGPAP AQCRPHPCTE APPCHAPRRL PELTGG	60 120 180 206
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:	
25	(A) LÄNGE: 134 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 180	
40	ELDGMEDGGQ REERKRNAKC GQPPRVKIEG SVMQVLDRRR QVGRAPQPPP QKRPPPGLSD PWGAGSASPR PHVAPAPMVP VPWMETASSG GQMWCSGIQS HFLPGHACPA ASSAAFSPYL PGDPGWGTRV PGG*	60 120 134
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:	
45	(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
£0	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
50		

	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 181	
0		60 120 139
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:	
	(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
20	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
30	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 182	
		60 120 132
35	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:	
40	(A) LÄNGE: 328 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
45	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	٠

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

	GQDSPTGKSN	ILVFKLGGTS	LSLSVMEVNS	GIYRVLSTNT	DDNIGGAHFT	ETLAQYLASE	60
5	FORSFKHDVR	GNARAMMKLT	NSAEVAKHSL	STLGSANCFL	DSLYEGQDFD	CNVSRARFEL	120
	LCSPLFNKCI	EAIRGLLDQN	GFTADDINKV	VLCGGSSRIP	KLQQLIKDLF	PAVELLNSIP	180
	PDEVIPIGAA	IEAGILIGKE	NLLVEDSLMI	ECSARDILVK	GVDESGASRF	TVLFPSGTPL	240
	PARRQHTLQA	PGSISSVCLE	LYESDGKNSA	KEETKFAQVV	LQDLDKKENG	LRDILAVLTM	300
	KRDGSLHVTC	TDQETGKCEA	ISIEIAS*				328

10

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 417 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 20 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

	MSSNCTSTTA	VAVAPLSASK	TKTKKKHFVC	QKVKLFRASE	PILSVLMWGV	NHTINELSNV	60
30	PVPVMLMPDD	FKAYSKIKVD	NHLFNKENLP	SRFKFKEYCP	MVFRNLRERF	GIDDQDYQNS	120
	VTRSAPINSD	SQGRCGTRFL	TTYDRRFVIK	TVSSEDVAEM	HNILKKYHQF	IVECHGNTLL	180
					TVAREASDKE		240
					LLVGIHDVDR		300
	RAEDEECEND	GVGGNLLCSY	GTPPDSPGNL	LSFPRFFGPG	EFDPSVDVYA	MKSHESSPKK	360
35	EVYFMAIIDI	LTPYDTKKKA	AHAAKTVKHG	AGAEISTVNP	EQYSKRFNEF	MSNILT*	417

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- (A) LÄNGE: 209 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi)	SEQUENZ	-BESCHREIBUNG	3: SEQ ID NO: 185
------	---------	---------------	-------------------

MCGNNMSTPL PAIVPAARKA TAAVIFLHGL GDTGPVRPVT LNMNVAMPSW FDIIGLSPDS 60

5 QEDESGIKQA AENIKALIDQ EVKNGIPSNR IILGGFSQGG ALSLYTALTT QQKLAGVTAL 120

SCWLPLRASF PQGPIGGANR DISILQCHGD CDPLVPLMFG SLTVEKLKTL VNPANVTFKT 180

YEGMMHSSCQ QEMMDVKQFI DKLLPPID* 209

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

10

- (A) LÄNGE: 257 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 186

	LPKYPAPRLL	PSLPADLRAD	SPGGHGRGPH	GAQQLLVGAR	LLGTPSWGPG	GHLRLPVCQL	60
	AGGAAPRHLP	ARGQHPAGQL	AHCHVQLHIR	QSTGQQRSLL	EGAGYRLIRE	FHSRPALAPP	120
	FIVISHLRLL	LRQLCRRPRS	PQPSSPALEH	FRVYLSKEAE	RKLLTWESVH	KENFLLARAR	180
30	DKRESDSERL	KRTSQKVDLA	LKQLGHIREY	EQRLKVLERE	VQQCSRVLGW	VAEALSRSAL	240
	LPPGGPPPPD	LPGSKD*					257

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- 35 (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 45 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

50 AEAGGSLASG GPGPGHASLS QRLRLYLADS WNQCDLVALT CFLLGVGCRL TPGLYHLGRT

	PRDSDFPSIL RRVFYRPYLQ IFGQIPQEDM DVALMEHSNC SSEPGFWAHP PGAQAGTCVS QYANWLVVLL LVIFLLVANI LLVNLLIAMF SYTFGKVQGN SDLYWKAQVT ASSGNSTLGP	120 180 240 289
5	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:	
10	(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
15	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 188	•
25	=- ·	60 120 164
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:	
30	(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
35	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
45	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 189	
45	OIMITHOLIGINI THE THE PARTY OF	60 120 151
50	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:	

	(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190	
	LVKGMTVLEA VLEIQAITGS RLLSMVPGPA RPPGSCWDPT QCTRTWLLSH TPRRRWISGL PRASCRLGEE PPPLPYCDQA YGEELSIRHR ETWAWLSRTD TAWPGAPGVK QARILGELLL V*	60 120 122
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:	
25	(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 191	
40	RWHLIRLDQV TRQQQLSRAE AQGRGPAVHL QDPGEPVAVL ARSAEIASSV SLQQEQNQLW PRWVGGSAFL AMAAATPRQE TAECLEGCNT RSNRQPPLFL MSDGQALQHL DRHGGWS*	60 118
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:	
45	(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	

	(III) HTPOTHETISCH: ja	
5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192	
10 .	NTNQFLSITY QYEVKKLRQP FLQIKHMNPM TFLTAEMLPP PQQLGRPVLE GSGCLLGRMC TWNTGCAQIT PGTVCAHPVR RKLASPTPWK PRRHTPVLDT CHPEPKRPLT SGAPSTTSAG PCCGQVARTL VPRVPSTVPG TWWILRSACC TEAVCSGKGC SEHRSLCI*	60 120 169
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:	
15	(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
20	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
30	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193	
25	IQSDLCSEQP FPEHTASVQH ADLSIHHVPG TVLGTRGTKV RATCPQQGPA EVVEGAPEVR GRFGSGWQVS STGVWRRGFH GVGEASFLLT GWAHTVPGVI CAQPVFQVHI LPRRHPDPSS TGRPSCCGGG SISAVRKVIG FMCFICKNGC LNFLTSYW*	60 120 159
35	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:	
40 .	(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
45	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

AWGRSPGLAT RFKDVSDPSR YPLLRGRGRR GSAPGAGPVV GGRAGVVRVV QAALGGSEHA 60
LRLHHEHVVE VPHQHRQQWQ KRQAVAEASE GAAHGKGQPV DQPGDGKETS EQREQFEGIL 120
GOVSGKHGQV EEVENKELDR LGHISPVDLH LPPWLPKGPK GRKA* 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

(A) LÄNGE: 155 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

PVMLFCPSAL WGATAGGGDP PAICGPVGPA LYSLLLQPGR AFHLPAPGYP QTAPSAHWSL 60 CRLPADLLAD LCRGPLLPRL RLRPDVSATA VDADVEPLLH VRGGAGAHAH CHREPPGLPG 120 PRPLGLRLOA PPLGLSLSAL ALGVGGSGLG LTHL*

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

XXLXSXVXXS WXXSTXATXK XPRWXDKXXS XQARPXXVXT XXQAFSLFQK GSEDGRPASQ 60 ERPDQXGRGL PQPQVSTRGS IRLSGXPLGS WWDGRGRWKR AEEMGSGWRV CASFEATSAG 120 HRLLNTKLVP TDELAMEEIX GRPLXPTGRA AHNSTSFPDR AGF* 164

35

40

45

(C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:	
(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197	
ATCGLHLWPR RKHKPSIHFP FPLPFSTSPF HPTSCXVAXQ KALLSPLLTL GAAXGLSXTG LAFPERQVFR PQSLSGTRRM PVXRWXHXXA WPVRXSTCLX SGXAXTLPEW XEXMTXPLXX PRXXREVSGY AGFPSSSWXA EFLGXXQIFX TL*	60 120 153
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:	
(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198	
SCGPRGIASL GLGFSGRCDD QNKGRSRRAR GSGGGVFRGA HLPGAAGQPE PHRAALASRR LTRKLYKCIK KAVKQKQIRR GVKEVQKFVN KGEKGIMVLA GDTLPIEVYC HLPVMCEDRN LPYVYIPSKT DLGAAAGPSA PPV*	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:	
(A) LÄNGE: 229 Aminosäuren (B) TYP: Protein	

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 199

	MASEELQKDL	EEVKVLLEKA	TRKRVRDALT	AEKSKIETEI	KNKMQQKSQK	KAELLDNEKP	60
	AAVVAPITTG	YTVKISNYGW	DQSDKFVKIY	ITLTGVHQVP	TENVQVHFTE	RSFDLLVKNL	120
15	NGKSYSMIVN	NLLKPISVEG	SSKKVKTDTV	LILCRKKVEN	TRWDYLTQVE	KECKEKEKPS	180
	YDTETDPSEG	LMNVLKKIYE	DGDDDMKRTI	NKAWVESREK	OAKGDTEF*		229

Patentansprüche

- 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 3, 4, 6, 7, 10, 12, 13, 15, 17-24, 26, 27, 29 ,31-34, 36, 37, 39, 40, 44-53; 142, 144-164, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Prostatatumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

- 8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 2000 bp aufweist.
- 5
 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 1700 bp aufweist.
- 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geigneter Promotor ist.
- 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
 - 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß
 Anspruch 14 erhältlich ist.
- 40 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

- 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
- 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
 - 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 22. Ein Protein gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß es aus einem Phage-Display stammt.
- 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199.
- 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141,
 143 und 165-199, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs.
- Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID
 No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 zur
 Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.

- 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164 in sense oder antisense Form.
- 29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses.
- 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.
- 31. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 57-61, 64, 66-68, 70-71, 73-83, 85-87, 89-90, 92, 94, 95, 97, 101-141, 143 und 165-199.
- 20 32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 3, 4, 6; 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31-34, 36, 39, 44-53; 142, 144-164.
- 35. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
 - 36. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

1/10

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

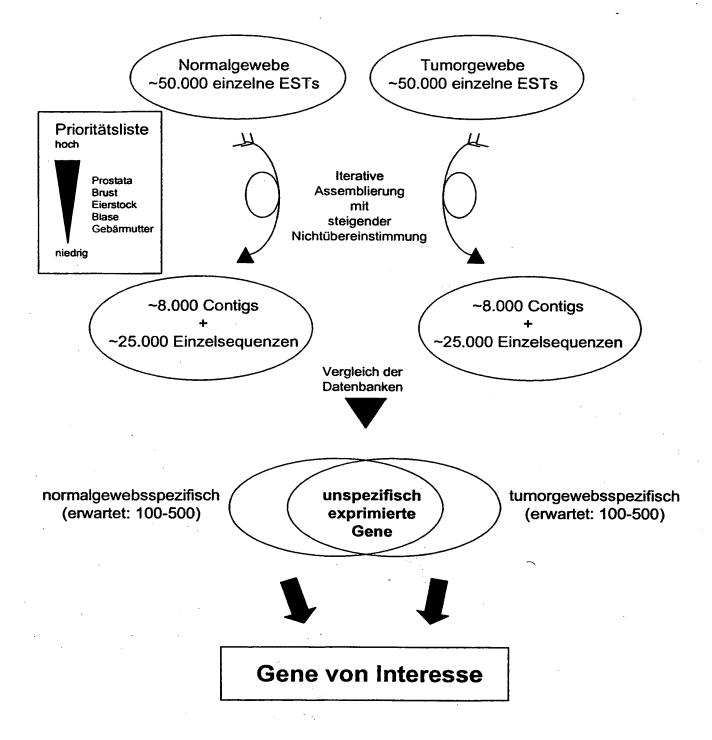


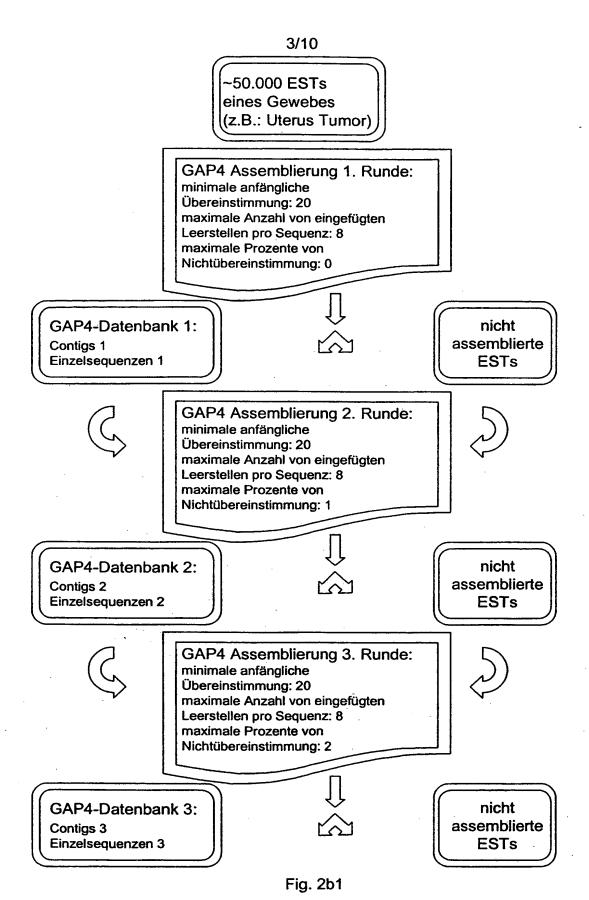
Fig. 1

2/10
Prinzip der EST-Assemblierung

~50.000 ESTs pro Gewebe Assemblierung bei 0% Nichtübereinstimmung mit GAP4 (Staden) Contigs Einzelsequenzen Iterative Assemblierung In Anzahl und Länge mit steigender zunehmenden Contigs Nichtübereinstimmung (1%, 2%, 4%) 5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Einzelsequenzen ~30.000 Konsensussequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

WO 99/46374 PCT/DE99/00721



WO 99/46374 PCT/DE99/00721

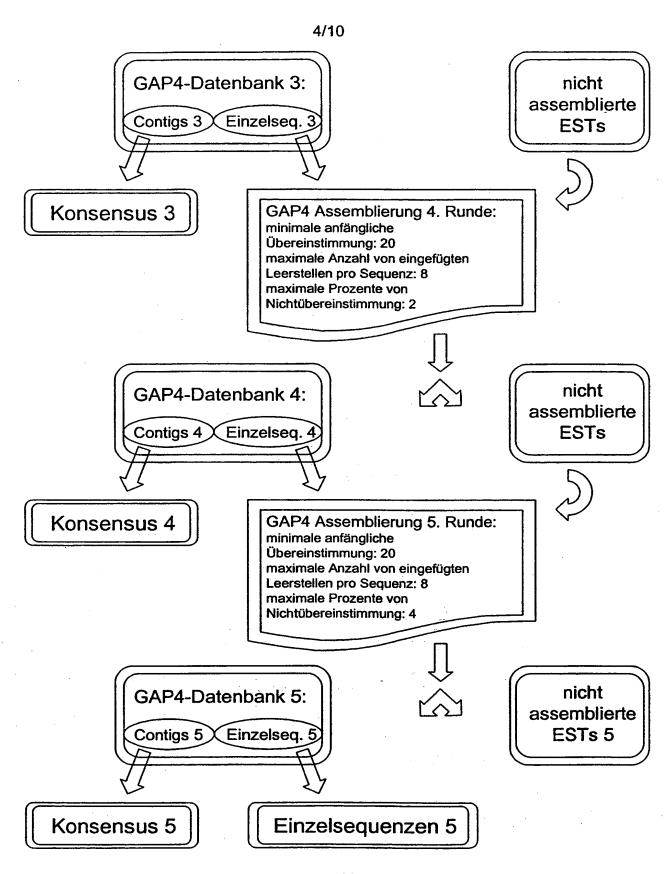


Fig. 2b2

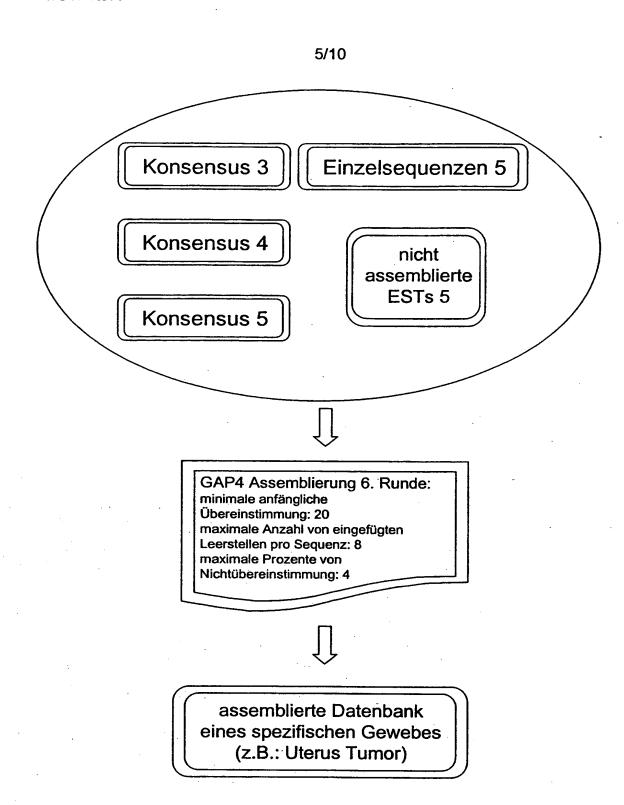


Fig. 2b3

6/10

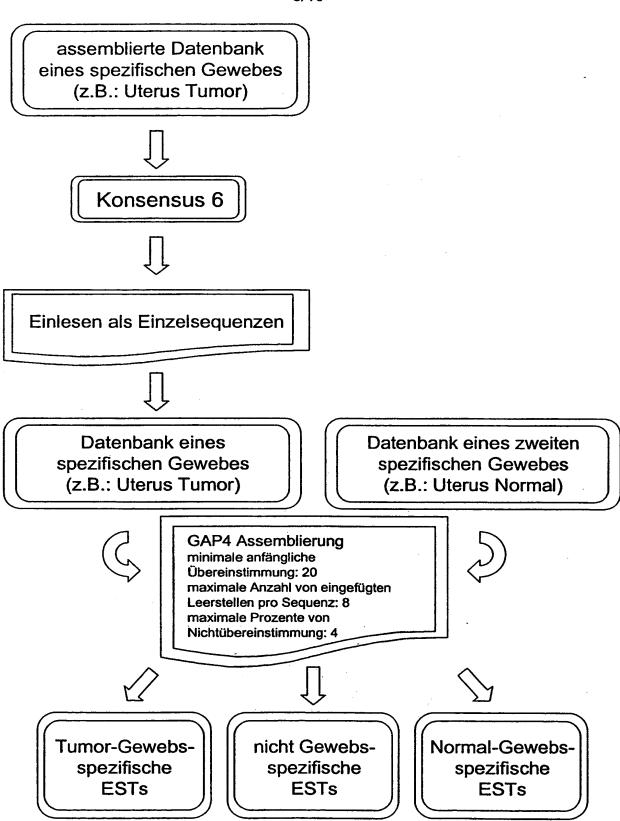
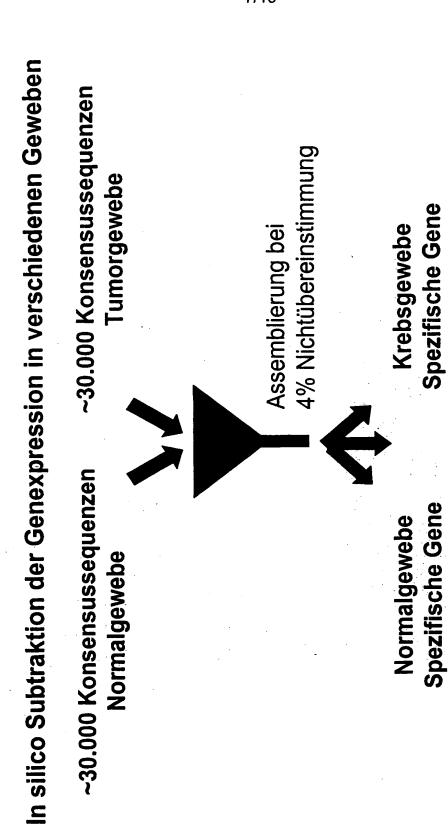


Fig. 2b4



In beiden Geweben exprimierte Gene

Fig. 3

8/10

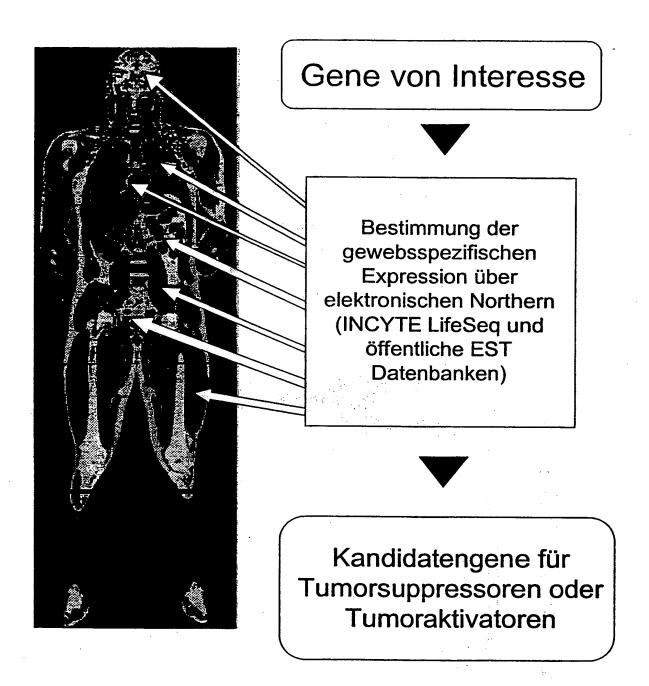


Fig. 4a

PCT/DE99/00721

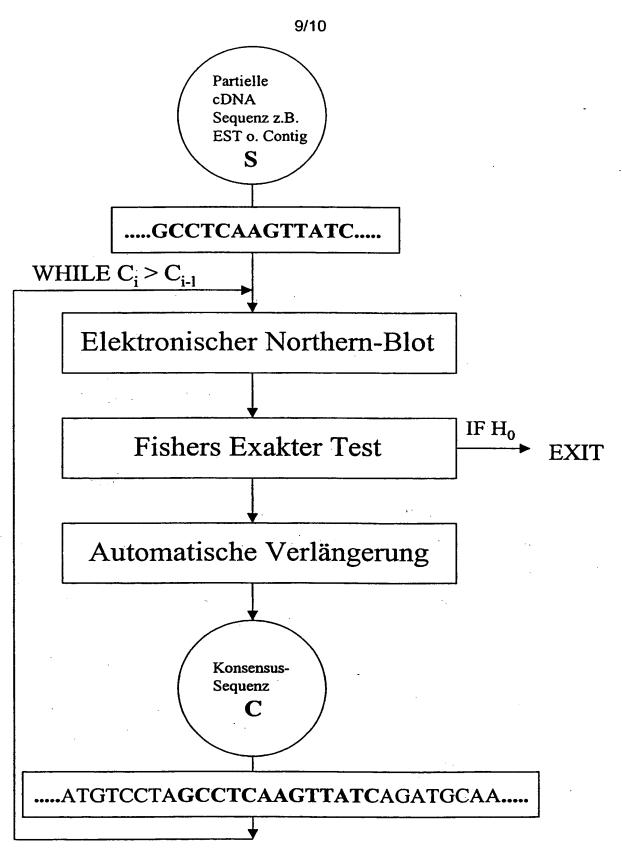


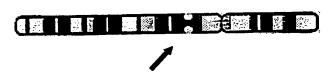
Fig. 4b

10/10

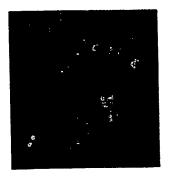
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal





Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen

Exon Intron



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6:

C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00

(11) Internationale Veröffentlichungsnummer:

WO 99/46374

A3 (43) Internationales

Veröffentlichungsdatum:

16. September 1999 (16.09.99)

(21) Internationales Aktenzeichen:

PCT/DE99/00721

(22) Internationales Anmeldedatum:

9. März 1999 (09.03.99)

(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IÊ, IT, LU, MC, NL, PT, SE).

(30) Prioritätsdaten:

198 11 193.2

10. März 1998 (10.03.98)

DE

Veröffentlicht

Mit internationalem Recherchenbericht.

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE];
Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN,
Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE).
SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II,
D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE];
Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE).
DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6,
D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE];
Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).

(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenberichts:
6. Juli 2000 (06.07.00)

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM PROSTATE TUMOUR TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PROSTATATUMORGEWEBE

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genomic sequences – from prostate tumour tissue which code for gene products or parts thereof, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtainable by way of said sequences and to their use.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Gewebe von Prostatatumoren, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
ΑU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
ΑZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
$\mathbf{B}\mathbf{B}$	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland		Republik Mazedonien	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	ÜA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko		Amerika
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CM	Kamerun		Korea	PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumānien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

Intern. .nal Application No PCT/DE 99/00721

	99/00/21
CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER PC 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 C12N1/21 C1 C12N15/10 C12N15/62 C12N15/70 C12N15/79 C1 G01N33/68 A61K38/17 A61K48/00 C07K16/18 C12N15/79 C1 C12N15/79 C1 C12N15/79 C1 C12N15/79 C1 C12N15/79 C1 C12N15/79 C1 C12N15/79 C12N15/79 C1 C12N15/79	
. FIELDS SEARCHED	
inimum documentation searched (classification system followed by classification symbols) PC 6 C12N C07K C12Q	-
ocumentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields	searched
lectronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms us	
DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT	
ategory ° Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
YANG, Z. & WENSEL, T.: "Molecular cloning and functional expression of cDNA encoding a mammalian inorganic pyrophosphatase" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY., vol. 267, 5 December 1992 (1992-12-05), pages 24641-24647, XP002127621 ISSN: 0021-9258 figure 4	1,7, 10-12, 15-19, 23-25
WO 97 36535 A (UNIV TEXAS) 9 October 1997 (1997-10-09) page 4 -page 16 page 22, line 7 - line 25 page 30, line 23 -page 36 page 55, line 7 -page 58 page 65 -page 71 claims	1-33
-/	
X Further documents are listed in the continuation of box C. X Patent family members are list	ed in annex.
Special categories of cited documents: A' document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance E' earlier document but published on or after the international filing date L' document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified) O' document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means P' document published prior to the international filing date but later than the priority date cand the priority date and not in conflict worked inventor invention "T' later document published after the or priority date and not in conflict worked inventor invention "C' document of particular relevance; the cannot be considered to involve an inventive step when the cannot be considered to involve an inventive step when the cannot be considered to involve an inventive step when the cannot be considered to involve an inventive step when the cannot be considered to involve an inventive step when the cannot be considered to involve an inventive step when the cannot be considered to involve an involve an inventive step when the cannot be considered to involve an involve	with the application but reflect underlying the neclaimed invention into the considered to occurrent is taken alone to claimed invention inventive step when the more other such docurrious to a person skilled entermine.
late of the sotual completion of the international search Date of mailing of the international 17 January 2000 17. 04, 00	search report
lame and mailing address of the ISA European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3016 ANDRES S.M.	

Form PCT/ISA/210 (second sheet) (July 1992)

Intern. .nal Application No PCT/DE 99/00721

		PCT/DE 99/00721	
C.(Continua	ation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category °	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.	
A	WO 98 04689 A (UROCOR INC) 5 February 1998 (1998-02-05) page 4, line 8 -page 9, line 7 page 20 -page 41 page 61, line 16 -page 66, line 3 page 85, line 20 -page 117 claims	1-33	
X	ADAMS, M. ET AL.: "EST186922 HCC cell line (metastasis to liver in mouse) II Homo sapiens cDNA 5' end" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ20258; ACCESSION NUMBER AA314881, 18 April 1997 (1997-04-18), XP002127622 the whole document & NATURE.,	1,5-9	
	vol. 377, 1995, pages 3-174, ISSN: 0028-0836		
X	HILLIER, L. ET AL.: "WashU-NCI human EST project: zi42c12.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS S1 Homo sapiens cDNA clone 433462 3'" EMBL DATABASE ENTRY AA694204, 19 December 1997 (1997-12-19), XP002127623 the whole document	1,5-9	
X	"zs84c07.r1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:704172 5'" EMBL DATABASE ENTRY HS1183744; ACCESSION NUMBER AA279355 (VERSION 3), 19 June 1997 (1997-06-19), XP002127624 the whole document	1,5-9	
X	ADAMS, M. ET AL.: "EST188096 HCC cell line (metastasis to liver in mouse) II Homo sapiens cDNA 5' end" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ21531; ACCESSION NUMBER AA316013, 18 April 1997 (1997-04-18), XP002127625 the whole document & NATURE., vol. 377, 1995, pages 3-174, ISSN: 0028-0836	1,5-9	
X	HILLIER, L. ET AL.: "WashU-NCI human EST project: zm87c06.rl Stratagene ovarian cancer (#937219) Homo sapiens cDNA clone 544906 5'" EMBL DATABASE ENTRY HSAA75438; ACCESSION NUMBER AA75438 (VERSION 2), 30 December 1997 (1997-12-30), XP002127626 the whole document	1,5-9	
	-/		

Inten. Unal Application No
PCT/DE 99/00721

		PCT/DE 99	7,00721
C.(Continua	tion) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category °	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages		Relevant to claim No.
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH., vol. 23, 1995, page 4992-9 XP002127627 ISSN: 0305-1048 cited in the application		-
A	SCHULER, G. D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH., vol. 7, 1997, pages 541-550, XP002127628 ISSN: 1088-9051 cited in the application		·
P,X	US 5 843 665 A (HAWKINS PHILLIP R ET AL) 1 December 1998 (1998-12-01) the whole document		1-33
P,X	WO 98 42738 A (FLORENCE KIMBERLY A ;HUMAN GENOME SCIENCES INC (US); GREENE JOHN M) 1 October 1998 (1998-10-01) page 62 page 92 -page 111 page 312 -page 313 claims		1-13, 15-25, 28,31-33
E .	WO 99 53040 A (SCHMITT ARMIN ;SPECHT THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN BERND) 21 October 1999 (1999-10-21) page 1 -page 8 page 316, line 29 - line 53 claims; figures		1-33
	·		

2

Form PCT/ISA/210 (continuation of second sheet) (July 1992)

International application No.

PCT/DE 99/00721

Box I	Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)
This inte	rnational search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:
1.	Claims Nos.: because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
2.	Claims Nos.: 34-36 because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
	See supplemental sheet ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210
3.	Claims Nos.: because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).
Box II	Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)
This Inte	ernational Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:
1.	As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2.	As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3.	As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
	-
4. X	No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.: laims 1-36 (all in part)
Remark	on Protest The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
	No protest accompanied the payment of additional search fees.

Form PCT/ISA/210 (continuation of first sheet (1)) (July 1992)

ADDITIONAL MATTER

PCT/ISA/210

International application No. PCT/DE99/00721

The International Search Authority has found that this international application contains several (groups of) inventions as follows:

1. Claims: 1-36 (all in part)

Nucleic acid sequence relating to SEQ ID 3, an allelic or complementary variant thereof. BAC, PAC and cosmid clone, expression cassette and host cell containing said sequence. Uses of said nucleic acid sequence and method for the production of a polypeptide. Antibodies directed against a polypeptide or fragment coded for by SEQ ID 3. Polypeptide sequences relating to SEQ ID 57 (table 2) and the uses thereof. Medicaments containing at least one polypeptide partial sequence SEQ ID 57.

2. to 53. Claims: 1-36 (all in part)

The same as in the case of invention 1 but relating to the nucleic acid sequences SEQ ID 4, 6, 10, 12, 15, 17-24, 27, 29, 31, 33-34, 36, 39, 44-53. 142 and 144-164 and the corresponding polypeptide (partial) sequences SEQ ID 58-60, 64, 66-67, 70-71, 73-83, 86, 87, 89-90, 92, 94, 101-141, 143 and 165-199 and described in table 2.

54 to 58. Claims: 3, 5-19, 23-26, 29-33 (all in part)

Nucleic acid sequence relating respectively to SEQ ID 7, 13, 26, 37 or 40, expression cassette and host cell containing said sequence. Uses of said nucleic acid sequence and method for the production of a polypeptide. Corresponding polypeptide sequence(s) and described in table and the uses thereof. Medicament containing at least one of said sequences.

Form PCT/ISA/210.

International application No. PCT/DE99/00721

See Supplemental Sheet ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

2. Claims Nr.: 34-36

4. Claims 1-36 (all in part)

ADDITIONAL MATTER

PCT/ISA/210

Continuation of Box I.2

Claims Nr.: 34-36

Patent claims 34-36 relate to an excessively large number of possible products, which is not supported by the description as defined by PCT Art. 6 and/or cannot be considered as disclosed in the patent application as defined by PCT Art. 5. In the present case, the patent claims lack the necessary support and the patent application lacks the necessary disclosure to such an extent that a meaningful search covering the entire range of protection sought for appears to be impossible. For this reason, no search on said products and the uses thereof was carried out.

The applicant's attention is drawn to the fact that patent claims, or parts of patent claims, relating to inventions in respect of which no international search report has been established need not be the subject of an international preliminary examination (PCT Rule 66.1(e)). The applicant is advised that the EPO policy when acting as an International Preliminary Examining Authority is normally not to carry out a preliminary examination on matter which has not been searched. This is the case irrespective whether or not the patent claims are amended following receipt of the International Search Report (PCT Art. 19) or whether or not the applicant files new patent claims during any PCT Chapter II procedure.

Form PCT/ISA/210

information on patent family members

Patent document cited in search report		Publication date		atent family nember(s)	Publication date
WO 9736535	A	09-10-1997	US AU AU EP	5861248 A 713610 B 2601797 A 0904405 A	19-01-1999 09-12-1999 22-10-1997 31-03-1999
WO 9804689	Α	05-02-1998	AU EP US	6642996 A 0951541 A 5882864 A	20-02-1998 27-10-1999 16-03-1999
US 5843665	Α	01-12-1998	US	5981232 A	09-11-1999
WO 9842738	A	01-10-1998	AU EP AU AU WO AU WO	6564698 A 0970110 A 6562798 A 8768498 A 9907891 A 9679898 A 9918208 A	12-10-1998 12-01-2000 20-10-1998 01-03-1999 18-02-1999 27-04-1999 15-04-1999
WO 9953040	Α	21-10-1999	DE	19817557 A	21-10-1999

Form PCT/ISA/210 (patent family annex) (July 1992)

Inter nales Aktenzeichen PCT/DE 99/00721

		PC1/DE 99/00/21			
IPK 6	FIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 C12 C12N15/10 C12N15/62 C12N15/70 C12 G01N33/68 A61K38/17 A61K48/00 ernationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und de	N1/21 C12N5 N15/79 C12Q1			
	CHIERTE GEBIETE				
···	ter Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole) C12N C07K C12Q				
Recherchier	te aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter o	tie recherchierten Gebiete fa	allen		
Während de	r internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenba	nk und evti. verwendete Su	chbegriffe)		
	SENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN				
Kategorie	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht	commenden Teile	Betr. Anspruch Nr.		
X 🎿 🤇	YANG, Z. & WENSEL, T.: "Molecular cloning and functional expression of cDNA encoding a mammalian inorganic pyrophosphatase" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY., Bd. 267, 5. Dezember 1992 (1992-12-05), Seiten 24641-24647, XP002127621 ISSN: 0021-9258 Abbildung 4	g g	1,7, 10-12, 15-19, 23-25		
A	WO 97 36535 A (UNIV TEXAS) 9. Oktober 1997 (1997-10-09) Seite 4 -Seite 16 Seite 22, Zeile 7 - Zeile 25 Seite 30, Zeile 23 -Seite 36 Seite 55, Zeile 7 -Seite 58 Seite 65 -Seite 71 Ansprüche		1-33		
		ĺ			
	,				
	ere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu X Siehe A	nhang Patentiamilie			
"A" Veröffen aber ni "E" ålteres (Anmek "L" Veröffen scheine andere soll ode ausgef "O" Veröffen eine Be	ittichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, cht als besonders bedeutsam anzusehen ist Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen dedatum veröffentlicht worden ist dedatum veröffentlicht worden ist veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft eren zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer in im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden ver die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ührt) ührt) veröffentlicht kann nicht aus werden, werde	ioritätadatum veröffentlicht vinicht kollidiert, sonderm nur zigrundeliegenden Prinzips opgeben ist ung von besonderer Bedeut ung von besonderer Bedeut ungrund dieser Veröffentlich er Tätigkeit beruhend betracung von besonderer Bedeut is auf erfinderischer Tätigkeit hat ein die Veröffentlichung mit eungen dieser Kategorie in Volung für einen Fachmann n	rum Verständnis des der der der ihr zugrundeliegenden ung; die beanspruchte Erfindus ung nicht als neu oder auf hiet werden ung; die beanspruchte Erfindus it beruhend betrachtet iner oder mehreren anderen erbindung gebracht wird und aheliegend ist		
Datum des A	eanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist av veröffentlicht worden ist Absendedat Absendedat	ung, die Mitglied derseiben f um des internationalen Reof 04, 00			
Name und P	Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijawijk	igter Bediensteter			

tntr onales Aktenzeichen
PCT/DE 99/00721

	PCI/DE	T/DE 99/00721	
C.(Fortsetz	ung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.	
A	WO 98 04689 A (UROCOR INC) 5. Februar 1998 (1998-02-05) Seite 4, Zeile 8 -Seite 9, Zeile 7 Seite 20 -Seite 41 Seite 61, Zeile 16 -Seite 66, Zeile 3 Seite 85, Zeile 20 -Seite 117 Ansprüche	1-33	
X	ADAMS, M. ET AL.: "EST186922 HCC cell line (metastasis to liver in mouse) II Homo sapiens cDNA 5' end" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ20258; ACCESSION NUMBER AA314881, 18. April 1997 (1997-04-18), XP002127622 das ganze Dokument & NATURE., Bd. 377, 1995, Seiten 3-174, ISSN: 0028-0836	1,5-9	
X	HILLIER, L. ET AL.: "WashU-NCI human EST project: zi42c12.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS S1 Homo sapiens cDNA clone 433462 3'" EMBL DATABASE ENTRY AA694204, 19. Dezember 1997 (1997-12-19), XP002127623 das ganze Dokument	1,5-9	
x	"zs84c07.r1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:704172 5'" EMBL DATABASE ENTRY HS1183744; ACCESSION NUMBER AA279355 (VERSION 3), 19. Juni 1997 (1997-06-19), XP002127624 das ganze Dokument	1,5-9	
X	ADAMS, M. ET AL.: "EST188096 HCC cell line (metastasis to liver in mouse) II Homo sapiens cDNA 5' end" EMBL DATABASE ENTRY HSZZ21531; ACCESSION NUMBER AA316013, 18. April 1997 (1997-04-18), XP002127625 das ganze Dokument & NATURE., Bd. 377, 1995, Seiten 3-174, ISSN: 0028-0836	1,5-9	
x	HILLIER, L. ET AL.: "WashU-NCI human EST project: zm87c06.rl Stratagene ovarian cancer (#937219) Homo sapiens cDNA clone 544906 5'" EMBL DATABASE ENTRY HSAA75438; ACCESSION NUMBER AA75438 (VERSION 2), 30. Dezember 1997 (1997-12-30), XP002127626 das ganze Dokument	1,5-9	
f	-/	1	

Interr Tales Aktenzeichen
PCT/DE 99/00721

CJEortsetz	mg) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie°	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht komme	enden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH., Bd. 23, 1995, Seite 4992-9 XP002127627 ISSN: 0305-1048 in der Anmeldung erwähnt	L P(
A	SCHULER, G. D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH., Bd. 7, 1997, Seiten 541-550, XP002127628 ISSN: 1088-9051 in der Anmeldung erwähnt		
P,X	US 5 843 665 A (HAWKINS PHILLIP R ET AL) 1. Dezember 1998 (1998-12-01) das ganze Dokument		1-33
P,X ×	WO 98 42738 A (FLORENCE KIMBERLY A ;HUMAN GENOME SCIENCES INC (US); GREENE JOHN M) 1. Oktober 1998 (1998-10-01) Seite 62 Seite 92 -Seite 111 Seite 312 -Seite 313 Ansprüche		1-13, 15-25, 28,31-33
E	WO 99 53040 A (SCHMITT ARMIN; SPECHT THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN BERND) 21. Oktober 1999 (1999-10-21) Seite 1 -Seite 8 Seite 316, Zeile 29 - Zeile 53 Ansprüche; Abbildungen		1-33
	·		

Internationales Aktenzeichen PCT/DE 99/00721

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)
Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt: 1. Ansprüche Nr. weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich
2. X Ansprüche Nr. 34-36 weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210
3. Ansprüche Nr. weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.
Feld II Bernerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)
Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:
Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
2. Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchengebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
3. Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.
Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt: Ansprüche 1-36 (alle teilweise)
Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt. Die Zahlung zusätzlicher Recherchengebühren erfolgte ohne Widerspruch.

Internationales Aktenzeichen PCT/ DE 99/00721

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere (Gruppen von) Erfindungen enthält, nämlich:

1. Ansprüche: 1-36 (alle teilweise)

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID 3, eine allelische oder komplementäre Variante davon. BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der SEQ ID 3 Sequenz kodiert wird. Polypeptidsequenzen sich beziehend auf SEQ ID 57 (Tabelle 2) und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid Teilsequenz SEQ ID 57.

2. bis 53. Ansprüche: 1-36 (alle teilweise)

Wie für Erfindung 1. aber bezogen auf die Nukleinsäuresequenzen SEQ IDs 4,6,10,12,15,17-24,27,29, 31,33-34,36,39,44-53,142 und 144-164, und den korrespondierenden Polypeptid(teil)-Sequenzen SEQ IDs 58-60, 64,66-67,70-71,73-83,86,87,89-90,92,94,101-141,143 und 165-199 sowie in Tabelle 2 beschrieben.

54. bis 58. Ansprüche: 3,5-19,23-26,29-33 (alle teilweise)

Nukleinsäuresequenz sich respektiv beziehend auf SEQ IDs 7,13,26,37 oder 40, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Korrespondierende Polypeptidsequenz(en) sowie in Tabelle II beschrieben und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine dieser Sequenzen.

Internationales Aktenzeichen PCT/DE 99/00721

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/

210

Fortsetzung von Feld I.2

Ansprüche Nr.: 34-36

Die geltende Patentansprüche 34 bis 36 beziehen sich auf eine unverhältnismäßig große Zahl möglicher Produkte, welche sich weder im Sinne von Art. 6 PCT auf die Beschreibung stützen und/oder noch im Sinne von Art. 5 PCT als in der Patentanmeldung offenbart gelten können. Im vorliegenden Fall fehlt den Patentansprüchen die entsprechende Stütze und fehlt der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Daher wurde keine Recherche für besagte Produkte und deren Verwendungen ausgeführt.

Der Anmelder wird darauf hingewiesen, daß Patentansprüche, oder Teile von Patentansprüchen, auf Erfindungen, für die kein internationaler Recherchenbericht erstellt wurde, normalerweise nicht Gegenstand einer internationalen vorläufigen Prüfung sein können (Regel 66.1(e) PCT). In seiner Eigenschaft als mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde wird das EPA also in der Regel keine vorläufige Prüfung für Gegenstände durchführen, zu denen keine Recherche vorliegt. Dies gilt auch für den Fall, daß die Patentansprüche nach Erhalt des internationalen Recherchenberichtes geändert wurden (Art. 19 PCT), oder für den Fall, daß der Anmelder im Zuge des Verfahrens gemäß Kapitel II PCT neue Patentanprüche vorlegt.

Angaben zu Veröffentlichung. , die zur seiben Patentfamilie gehören

Inter nales Aktenzeichen
PCT/DE 99/00721

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokum	ent	Datum der . Veröffentlichung		lied(er) der tentfamilie	Datum der Veröffentlichung
WO 9736535	A	09-10-1997	US AU AU EP	5861248 A 713610 B 2601797 A 0904405 A	19-01-1999 09-12-1999 22-10-1997 31-03-1999
WO 9804689	Α	05-02-1998	AU EP US	6642996 A 0951541 A 5882864 A	20-02-1998 27-10-1999 16-03-1999
US 5843665	. A	01-12-1998	US	5981232 A	09-11-1999
WO 9842738	Α	01-10-1998	AU EP AU AU WO AU WO	6564698 A 0970110 A 6562798 A 8768498 A 9907891 A 9679898 A 9918208 A	12-10-1998 12-01-2000 20-10-1998 01-03-1999 18-02-1999 27-04-1999 15-04-1999
-W0 9953040	Α	21-10-1999	DE	19817557 A	21-10-1999